

Głównym celem proponowanego projektu jest zbadanie różnorodności wariantów dziedziczonego w linii męskiej (z ojca na syna) chromosomu Y u wilków w Europie. Podobne badania populacji ludzi przyczyniły się do poznania naszego pochodzenia czy historii wędrówek ludów i kolonizacji przez człowieka nowych kontynentów. Chromosom Y jest też bardzo popularnym markerem w badaniach genealogicznych i kryminalistycznych. W przypadku dziko żyjących gatunków zwierząt takie badania były rzadko prowadzone, ale ostatnich kilka lat przyniosło liczne przykłady ich użyteczności. U wilków dotychczas wykorzystywano chromosom Y przede wszystkim do badania ich krzyżowania się z psami i oceny różnorodności zagrożonych, izolowanych populacji takich jak skandynawska czy włoska. My planujemy porównać wzorce różnorodności chromosomu Y między różnymi populacjami wilka w szerokiej skali geograficznej, uwzględniając bardzo słabo poznane regiony jak np. Ural czy Kaukaz. Stawiamy hipotezę, że różnorodność na obszarach ciągłego zasięgu gatunku jest znacznie wyższa niż wykazana w dotychczasowych badaniach mniejszych populacji.

Porównanie wzorców rozmieszczenia geograficznego wariantów chr. Y z wynikami uzyskanymi dla przekazywanego w linii matczynej mitochondrialnego DNA i dziedziczonego po obydwu rodzicach DNA autosomalnego może wykazać, czy udział samców i samic wilka w przepływie genów między populacjami jest taki sam, czy też się różni. Jest wiele przesłanek wskazujących, że to długodystansowe wędrówki samców są głównym czynnikiem łączącym wilki z odległych regionów. Ponieważ izolacja prowadzi do mającego bardzo niekorzystne konsekwencje chowu wsobnego, takie utrzymywanie „łączności genetycznej” jest niezwykle istotne dla przetrwania gatunku.

Prowadzone dwutorowo – w szerokiej skali geograficznej niemal całej Europy oraz w bardziej lokalnej skali lepiej poznanych subpopulacji wilka w Polsce i krajach sąsiednich – badania markerów dziedziczonych w linii ojcowskiej powinny pomóc zrozumieć rolę samców w wyżej opisanych procesach. Co więcej, spróbujemy lepiej poznać historię nowopowstałej populacji centralnoeuropejskiej, która jest w fazie gwałtownego wzrostu zasięgu i liczebności (początkowo ograniczona do zachodniej Polski i wschodnich Niemiec, ale obecnie sięga do krajów Beneluksu), przez co jest świetnym modelem do badania wzorców dyspersji wilków. Ponadto, nasze badania powinny też pomóc określić częstość krzyżowania się wilków z psami na badanych terenach.