

Gatunki przystosowane do zimnych warunków środowiska występują obecnie w Europie przede wszystkim w wysokich górach i na północy kontynentu. Wiele z nich miało jednak dużo szersze zasięgi w czasie chłodniejszych epizodów Plejstocenu. Takie populacje różnych gatunków były analizowane na podstawie zapisu kopalnego, ale dostępny materiał jest rzadki i analizy takie możliwe są tylko dla kilku gatunków.

Inną możliwością jest użycie informacji przechowywanej w genomach żyjących organizmów. Badając częstość alleli i ich historie ewolucyjne, badacze mogą odtworzyć jak spokrewnione są ze sobą żyjące populacje, kiedy się rozdzieliły, a nawet jak zmieniała się ich wielkość w czasie. Potrzebujemy jednak do tego gatunków które przetrwały do dzisiejszych czasów i organizmów, które są potomkami osobników które zamieszkiwały dany obszar w przeszłości. W wielu przypadkach takie populacje, zwane reliktowymi, istnieją, często jako bardzo niewielkie i na skraju wymarcia.

Celem tego projektu jest wykorzystanie reliktyw glacialnych do zrekonstruowania historii wysokogórskiej flory występującej na północ od Alp, w mniejszych, niższych i o wiele starszych masywach górskich. Nieliczne dostępne obecnie dane wskazują, że historia występujących tam populacji tych gatunków jest długa oraz że gatunki te występowały w większych i liczniejszych populacjach w chłodnym okresie ostatniego zlodowacenia. Te obszary mogły być źródłem kolonizacji innych obszarów górskich oraz północy przez gatunki zimnolubne i mogą wciąż zachowywać dużą część dawnej zmienności genetycznej tych gatunków. Analizując rozkład genów i alleli w przestrzeni, chcemy poznać rolę systemu niższych masywów górskich w kształtowaniu obecnej struktury genetycznej zimnolubnych gatunków.