

STRESZCZENIE

Prawie 100 lat temu, w latach 20 ubiegłego wieku, wyginęły ostatnie wolnożyjące żubry (Sztolcman 1926, Wróblewski 1932, Bashkirov 1940, Heptner i in. 1966). Jednak w rezultacie intensywnego programu hodowlanego, gatunek ten ponownie zajmuje obszary swojego dawnego zasięgu w Europie Środkowej i Wschodniej. Obecnie wyróżnia się 2 linie genetyczne żubrów. Linie nizinną stanowią czyste żubry podgatunku nizinnego (*B. b. bonasus*), a linia nizinno-kaukaska obejmuje potomków podgatunku nizinnego i jednego byka podgatunku kaukaskiego (*B. b. caucasicus*), M100 KAUKASUS.

Głównym celem niniejszej pracy było zbadanie dywergencji DNA w populacji żubrów żyjących obecnie, żubrów założycieli oraz wymarłych żubrów kaukaskich. Badania przeprowadziłam w oparciu o DNA mitochondrialny (I część pracy) i DNA jądrowy (II część pracy).

W pierwszej części pracy amplifikując fragmenty mtDNA i sekwencjonując je metodą Sangera uzyskałam 12 kompletnych sekwencji mtDNA, dla 10 prób współczesnych i 2 założycieli żyjących przed wąskim gardłem populacyjnym. Ponadto metodą NGS uzyskałam 2 kompletne sekwencje mtDNA dla wymarłego podgatunku kaukaskiego. Wszystkie uzyskane sekwencje mtDNA okazały się identyczne, reprezentują jeden haplotyp mtDNA. Wynik ten sugeruje całkowity brak zmienności mtDNA lub wysoką częstość ustalonego w niniejszej pracy haplotypu w populacji żubrów już przed wąskim gardłem populacyjnym. Przeprowadzone przeze mnie analizy sekwencji mtDNA w obrębie plemienia Bovini wykazały ślady selekcji pozytywnej w 9 genach mtDNA kodujących białka (z wyłączeniem *COX1-COX3* i *ND3*).

W drugiej części pracy ustaliłam dane genomowe (jądrowe i mitochondrialne) o niskim pokryciu dla 7 żubrów, w tym dla 3 żubrów współczesnych z obu linii genetycznych, 2 żubrów nizinnych- założycieli światowego stada żubrów oraz 2 żubrów kaukaskich. Analizy dywergencji genomów jądrowych żubrów ujawniły, że poziom zmienności genetycznej pomiędzy dwoma zbadanymi żubrami kaukaskimi był wyższy niż wśród żubrów nizinnych żyjących przed restytucją, czy wśród żubrów współczesnych. Genomy współczesnych żubrów są natomiast najbardziej dywergentne spośród zbadanych w niniejszej pracy genomów innych bawołowatych (Bovinae). Analizy ujawniły ponadto przepływ genów między żubrami nizinnymi i żubrami kaukaskimi, jaki miał miejsce przed rozpoczęciem

programu restytucji. Z tego powodu, genomowy komponent pochodzenia kaukaskiego posiadają wszystkie badane współczesne żubry, jednak u żubra linii nizinno-kaukaskiej komponent ten jest większy. Dla żubra z linii nizinno-kaukaskiej zidentyfikowałam łącznie 511 fragmentów genomu o wielkości 1 Mb będących skutkiem admiksji z żubrami kaukaskimi. W niniejszej pracy przedstawiam także pierwsze dowody admiksji między wszystkimi zbadanymi żubrami, zarówno współczesnymi, jak i historycznymi, a bydlęciem domowym (*Bos taurus*), do której doszło prawdopodobnie w czasach historycznych. Nie mogę jednak wykluczyć alternatywnej hipotezy zakładającej hybrydyzację żubrów z turem (*Bos primigenius*). W celu jej weryfikacji należałoby zsekwencjonować genomy kolejnych antycznych turów.

Karolina Węcel

Tadeusz M. Szymura
akceptuję pracę p. mgr K. Węcel