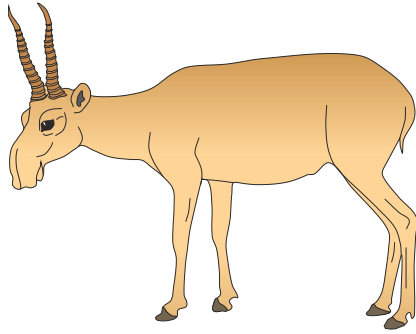
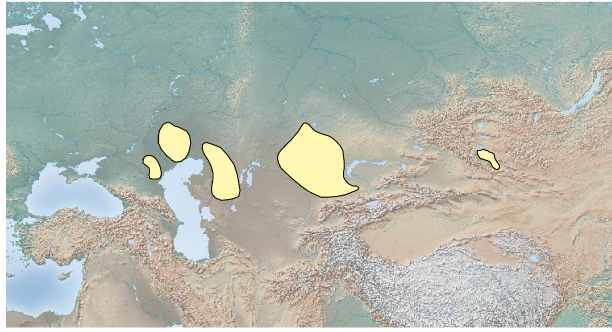


W czasie ostatniej epoki lodowcowej w plejstocenie, duże obszary Eurazji i Ameryki Północnej były pokryte stepo-tundrą, która była zamieszkiwana przez gatunki przystosowane do zimnego klimatu, np. mamuty i nosorożce włochate. Istotnym składnikiem tego kompleksu faunistycznego była mała stepowa antylopa - suhak (*Saiga tatarica*), który przetrwał do czasów współczesnych (Ryc. 1), dlatego wiedza na temat tego gatunku może dostarczyć cennych informacji o rozwoju i zniknięciu tego ekosystemu, a także zweryfikować koncepcję o różnych reakcjach poszczególnych gatunków na zmiany klimatu i środowiska. Cechą charakterystyczną suhaka jest krótka trąbka, która w lecie odfiltruje pył i chłodzi krew zwierzęcia, natomiast w zimie ogrzewa oraz nawilża chłodne i suche powietrze. W plejstocenie suhak był szeroko rozprzestrzeniony w środkowej i północnej Eurazji aż po Amerykę Północną. Jednakże, ten relikw z epoki lodowcowej jest obecnie krytycznie zagrożony i reprezentowany przez tylko pięć populacji: jedną w Rosji, trzy w Kazachstanie i jedną w Mongolii (Ryc. 2). Ich liczebność stale spada ze względu na choroby, kłusownictwo oraz zmiany klimatu i środowiska, dlatego badania tego gatunku powinny być priorytetem.



Ryc. 1. Samiec suhaka.



Ryc. 2. Występowanie populacji suhaka.

Zasięg geograficzny suhaka prawdopodobnie kurczył się i rozszerzał wiele razy w zależności od warunków klimatycznych. Jednak szczegóły dotyczące jego szlaków migracji wciąż nie są jasne. Kolejny nierozwiązany problem dotyczy liczby jego plejstoceńskich form i ich pozycji taksonomicznej. Wielu autorów opisuje szczątki suhaka pod różnymi nazwami i zmienia ich poziom taksonomiczny. Dlatego historia ewolucyjna i status taksonomiczny suhaka są nadal przedmiotem gorącej i ożywionej dyskusji.

Najlepszym sposobem na rozwiązanie tych problemów jest analiza kopalnego DNA ze szczątków dawnych organizmów. Dlatego, celem tego projektu jest zbadanie sekwencji genomów mitochondrialnych i jądrowych pozyskanych nie tylko od współczesnych osobników, ale przede wszystkim ze szczątków kopalnych pochodzących z terenów całej Eurazji. Wykonamy analizy filogenetyczne, filogeograficzne i demograficzne, aby określić ewolucję i genetyczną zmienność suhaka w czasie i przestrzeni.

Wyniki analiz genetycznych będą porównane z wynikami badań morfometrycznych. Dzięki temu będziemy mogli sprawdzić, czy formy wyróżnione morfologicznie są również uzasadnione genetycznie. Formy te mogą reprezentować ekotypy lub morfotypy powstałe w wyniku lokalnego zróżnicowania populacji suhaka szeroko rozpowszechnionego w plejstocenie. W przeciwnym przypadku, mogą one być niezależnie ewoluującymi i genetycznie izolowanymi liniami filogenetycznymi. Drugim celem naszego projektu jest rekonstrukcja szlaków migracji oraz ekspansji i lokalnego wymierania suhaka. Gatunek ten jest szczególnie dobrym taksonem do analizowania migracji, ponieważ prowadzi koczowniczy tryb życia i migruje sezonowo w poszukiwaniu obszarów z lepszą dostępnością pokarmu. Chcemy ustalić, czy suhak zasiedlał Europę kilka razy z odległych refugium, czy ewoluował z lokalnych populacji.

Dane genetyczne będą porównywane z datowanymi próbkami i zapisami izotopowymi tlenu, które są dobrym wskaźnikiem warunków klimatycznych w przeszłości. Umożliwi nam to sprawdzenie, czy pojawianie się i zanikanie linii rodowych suhaka oraz jego szlaki migracyjne były związane ze zmianami klimatycznymi i środowiskowymi. Na przykład migracje mogły się nasilać w okresach klimatu kontynentalnego i ograniczać kiedy klimat stawał się cieplejszy i bardziej wilgotny. Ponieważ istnieje wiele wspólnych czynników wpływających na populacje suhaka w przeszłości i obecnie, wyniki tego projektu mogą pomóc w przewidywaniu przyszłych losów tego gatunku i jego ochronie. Nasze wyniki będą istotne dla inicjatywy Parku Plejstoceńskiego tworzonego na Syberii w celu odtworzenia i zbadania ekosystemu jaki istniał w czasie epoki lodowcowej, ponieważ suhak będzie istotnym roślinożercą w tym rezerwacie.

Wyniki projektu będą dobrym punktem odniesienia i modelem dla innych członków megafauny plejstoceńskiej oraz współczesnych gatunków, które również podlegają drastycznym zmianom klimatu i środowiska. Projekt jest interdyscyplinarnym podejściem, które pokazuje owocną integrację różnych dyscyplin: genetyki molekularnej i populacyjnej oraz paleontologii i paleoekologii.