

mgr Katarzyna Sieńko

„Genetic diversity of the common shrew *Sorex araneus* and the pygmy shrew *Sorex minutus* in Poland and southern Sweden”

“Zróżnicowanie genetyczne ryjówki aksamitnej *Sorex araneus* i ryjówki malutkiej *Sorex minutus* w Polsce i południowej Szwecji”

STRESZCZENIE

Sekwencje mikrosatelitarne (MS, ang. *microsatellites*), jak również mitochondrialny DNA (mtDNA, ang. *mitochondrial DNA*) stały się jednymi z najczęściej stosowanych markerów genetycznych w ekologii molekularnej ze względu na wysoki poziom mutacji. Cecha ta pozwala na wykorzystanie tych markerów w badaniach dotyczących zróżnicowania genetycznego, filogenetyki i filogeografii gatunków. Na podstawie wspomnianych markerów molekularnych możliwe jest wnioskowanie na temat powiązań genetycznych badanych populacji, a także historii gatunku.

Ryjówka aksamitna (*Sorex araneus*) jest uważana za jeden z najbardziej zróżnicowanych genetycznie gatunków ssaków, ze względu na charakteryzującą ją zmienność chromosomową. Przyczyną jej polimorfizmu kariotypowego jest mutacja zwana translokacją Robertsonowską. Do tej pory wykryto ponad 70 ras chromosomowych, które podzielono na różne grupy kariotypowe. Uważa się, że rearanżacje chromosomowe mogą wpływać na przepływ genów pomiędzy populacjami, dlatego zagadnienie to jest bardzo interesujące i podejmowane w badaniach filogenetycznych i filogeograficznych

Ryjówka malutka (*Sorex minutus*) jest uważana za gatunek raczej monomorficzny pod względem liczby i budowy chromosomów, wciąż jednak istnieje potrzeba przeprowadzania badań przy użyciu różnych markerów genetycznych dla uzupełnienia informacji uzyskanych do tej pory.

Celem niniejszej pracy było zbadanie zmienności genetycznej ryjówki aksamitnej i ryjówki malutkiej w Polsce i południowej Szwecji na podstawie analizy różnych klas markerów genetycznych tj. dziedziczonych od obojga rodziców (sekwencje mikrosatelitarne autosomalne), dziedziczone po ojcu (sekwencje mikrosatelitarne zlokalizowane na chromosomie Y) i po matce (mtDNA). Markery genetyczne zostały wybrane tak, aby uniknąć błędnego wnioskowania na temat procesów genetycznych i historii gatunku.

W niniejszej pracy do analizy markerów mikrosatelitarnych użyto 187 zwierząt (110 osobników *S. araneus* i 77 osobników *S. minutus*), natomiast badaniami mtDNA objęto 21 osobników *S. araneus* i 15 osobników *S. minutus* (w sumie 36 zwierząt). Próbkę osobników pochodzące z polskich i szwedzkich populacji zebrano z 10 miejsc do analiz MS oraz 15 miejsc do analiz mtDNA. Analizą zmienności genetycznej MS i mtDNA ryjówki malutkiej objęto osobniki pochodzące odpowiednio z 6 i 11 miejsc w Polsce i Szwecji. Ryjówki aksamitne pochodzące z Polski należały do następujących ras chromosomowych: Białowieża (Bi), Drnholec (Dn), Łęgucki Młyn (Łg) i Ulm (Ul), podczas gdy osobniki ze Szwecji zaliczały się do dwóch ras chromosomowych: Hällefors (Hä) oraz Åkarp (Åk). Rasy te podzielono na dwie grupy karyotypowe Wschodnią (Bi, Łg) i Zachodnią (Åk, Dn, Hä, Ul) Europejską Grupę Karyotypową. Do analiz użyto 9 mikrosatelitów autosomalnych (*L9*, *L14*, *L33*, *L45*, *L62*, *L68*, *L92*, *L97*, *L99*), marker mikrosatelitarny występujący na chromosomie Y (*L8Y*) oraz fragment sekwencji mitochondrialnego cytochromu b (*cyt b*, ang. *cytochrome b*).

Uzyskane wyniki okazały się podobne dla obu gatunków. Wykazano wysoką zmienność genetyczną markerów mikrosatelitarnych, zarówno dla ryjówki aksamitnej jak i ryjówki malutkiej. Niski poziom zróżnicowania genetycznego populacji został oszacowany na podstawie wartości *FST* dla obu gatunków. Wartości *FST* dla wszystkich loci, zarówno dla *S. araneus* jak i *S. minutus*, wykazały nieco wyższe wartości u samic niż u samców. Na podstawie analizy AMOVA wykazano, że większość zmienności genetycznej stwierdzono pomiędzy populacjami, zarówno dla *S. araneus* jak i dla *S. minutus*. Wydaje się, że rearanżacje chromosomowe nie wpływały istotnie na wymianę genów pomiędzy różnymi rasami chromosomowych *S. araneus*. Test Mantela nie wykazał istotnej korelacji między zróżnicowaniem genetycznym i dystansem geograficznym dla obu analizowanych gatunków. Liczba klastrow genetycznych (*K*) wykryta dla ryjówki aksamitnej (*K* = 3) okazała się być niższa niż liczba populacji geograficznych, podobnie dla ryjówki malutkiej, u której wykazano *K* = 2 klastry genetycznych.

Analiza sekwencji *cyt b* wykazała wysoki stopień różnorodności haplotypowej. Wykazano statystycznie istotną odrębność genetyczną między populacjami polskimi i szwedzkimi. Nie stwierdzono istotnego zróżnicowania w genie *cyt b* pomiędzy Zachodnią i Wschodnią Grupą Karyotypową. Nie zaobserwowano wyraźnego podziału sekwencji mtDNA na drzewie filogenetycznym skonstruowanym dla *S. araneus*. Wyjątek stanowiły sekwencje reprezentujące region Morza Śródziemnego, które utworzyły osobną grupę haplotypów. Analiza filogenetyczna ryjówki malutkiej wykazała podział na dwa klady. Pierwszy z nich składał się z osobników pochodzących z Europy Północnej i Środkowej, a drugi obejmował

zwierzęta pochodzące z Europy Północnej i Południowej (Bałkany, Półwysep Iberyjski, Włochy).

Słowa kluczowe: ryjówka aksamitna, *Sorex araneus*, ryjówka malutka, *Sorex minutus*, różnicowanie genetyczne, sekwencje mikrosatelitarne, mtDNA

Kłodzko, 24.03.2017r.

Katarzyna Sicińska