

substratem do produkcji serotoniny, będącej hormonem tkankowym w znacznym stopniu odpowiadającym za nasz nastrój – serotonina zwana jest również hormonem szczęścia. Gdy zwiększa się poziom hormonu snu w naszym organizmie, to zmniejsza poziom tryptofanu, czyli może maleć również ilość serotoniny, przez co mamy większą skłonność

do depresji. Reasumując, niebieska tęcza sprawiała, że absorbowana była mniejsza ilość promieni słonecznych, dzięki czemu więcej światła docierało do oka, co sprawiało, że osoba o niebieskich tęczówkach miała mniejszą skłonność do depresji, co jest zjawiskiem bardzo korzystnym i preferowanym przez ewolucję.

Aleksandra Synowiec jest studentką Biotechnologii na wydziale Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ. E-mail: ola@synowiec.eu.

GENETYKA POPULACJI NA PRZESTRZENI WIEKU

Joanna Gerc, Ewa Tarnowska (Bydgoszcz, Białowieża)

Genetyka to termin pojawiający się coraz częściej na łamach prasy codziennej. Pomimo gwałtownego rozwoju nauk przyrodniczych wykorzystujących w swoich analizach narzędzia i prawa genetyki – nie wszyscy zdają sobie sprawę z szerokiego znaczenia tego słowa. Genetyka populacji – temat przewodni niniejszego artykułu – to dziedzina genetyki zajmująca się badaniem determinacji i zmienności cech genetycznych w obrębie populacji oraz pomiędzy nimi. W tym momencie należałoby zadać sobie pytanie, jakiego typu mechanizmy odpowiedzialne są za zmianę składu genetycznego populacji, a w związku z tym za ich różnorodność. Do mechanizmów tych należą: mutacje, rekombinacje, dobór naturalny, dryf genetyczny, migracje oraz zwykły przypadek. Innymi słowy genetyka populacji pozwala zrozumieć, jak różne procesy wpływają na ewolucję genów, genomów i całych organizmów. Umożliwia ona szybką ocenę bioróżnorodności na poziomie genetycznym, a także warunkuje podjęcie działań ochronnych w celu zachowania zmienności genetycznej rzadkich gatunków.

Dzięki osiągnięciom biologii molekularnej dokonano szeregu nowych odkryć, których trudno byłoby dokonać wykorzystując inne techniki badawcze. Przykładem mogą być badania z zakresu zróżnicowania genetycznego wielu gatunków roślin i zwierząt, których wyniki mają istotne znaczenie w taksonomii.

Nie można zapominać również o szczególnej roli badań z zakresu genetyki populacji ludzkich, począwszy od analiz pochodzenia i ewolucji człowieka, po ocenę częstości występowania nosicielstwa najczęstszych mutacji powodujących choroby genetyczne. Można tu wspomnieć o znanym przykładzie chorób: anemii sierpowatokrwińkowej i malarii. Osoby heterozygotyczne (posiadające dwa różne warianty

geny) posiadające jeden allel (wariant genu) anemii sierpowatej i jeden allel kodujący prawidłową budowę krwinek czerwonych (erytrocytów) są bardziej odporne na malarię i dzięki temu lepiej przystosowane do życia w środowisku, gdzie występuje malaria. Innym przykładem są badania dotyczące tolerancji laktozy. Naturalnie u ssaków dochodzi do utraty zdolności trawienia cukru mlecznego – laktozy – po zakończeniu okresu karmienia. W niektórych populacjach ludzkich mutacja występująca w sekwencji regulatorowej genu kodującej enzym laktazę, chroni przed utratą produkcji tego enzymu. Pozwala to na spożywanie mleka i jego produktów przez całe życie. Mutacja ta występuje częściej w populacjach, które wcześniej udomowiły bydło.

Narodziny genetyki populacji

Za datę narodzin genetyki populacji można uznać przełom lat dwudziestych i trzydziestych XX w. Pionierami w tej dziedzinie byli Sewall Wright, John Burdon, Sanderson Haldane i Ronald Fisher. Ich zainteresowania skupiały się wokół badań nad syntetyczną teorią ewolucji zwaną neodarwinizmem. Ukształtowanie się tej teorii było wynikiem wspólnych prac prowadzonych przez genetyków doświadczalnych, przyrodników i paleontologów. Neodarwinizm zakładał, że wszystkie zjawiska ewolucyjne można wytłumaczyć w sposób zgodny ze znanymi mechanizmami genetycznymi i udokumentowanymi obserwacjami przyrodników. Ponadto teoria ta podkreślała, że ewolucja zachodzi stopniowo (nie wielkie zmiany genetyczne, regulowane przez dobór naturalny, gromadzą się przez długi okres czasu), a dobór naturalny jest zdecydowanie najważniejszym mechanizmem zmian ewolucyjnych. W swoich

badaniach naukowcy nie korzystali ze wspólnie stosowanych technik analizy DNA, które to zostały odkryte dopiero kilkadziesiąt lat później. W poniższej tabeli (Tab. 1) przedstawione zostały osiągnięcia Sewalla Wrighta, Johna Burdona Sandersona Haldane'a i Ronalda Fishera. Odkrycia tych słynnych naukowców stanowią podstawowe narzędzie podczas przeprowadzania szeregu analiz statystycznych

Tab.1. Pionierzy genetyki populacji i teorie leżące u podstaw tej nauki.

Wynalazca	Odkrycie
Sewall Wright	Standardowe narzędzia statystyczne (F_{is} , F_{st}) F_{is} – współczynnik wsobności, współczynnik hodowli krewniaczej lub inbredu, wskazujący prawdopodobieństwo homozygotyczności osiągniętej dzięki wspólnemu pochodzeniu osobników. F_{st} – współczynnik utrwalenia, określający spadek heterozygotyczności w subpopulacji w stosunku do całej populacji na skutek selekcji lub dryfu genetycznego.
John Burdon Sanderson Haldane	Matematyczne modele ilustrujące teorię ewolucji i doboru naturalnego
Ronald Fisher	Analizy statystyczne: ³ Metoda (ang. Maximum Likelihood), ⁴ analiza wariancji ANOVA, ⁵ analiza LDA ³ Maximum likelihood – statystyczna metoda największej wiarygodności. ⁴ Analiza wariancji ANOVA – Pozwala porównywać więcej niż dwie badane grupy wydzielone przez kategorie jednej zmiennej (analiza jednoczynnikowa) lub wielu zmiennych (analiza wieloczynnikowa). ⁵ Analiza LDA – (ang. <i>Linear discriminant analysis</i>) to liniowa analiza dyskryminacyjna używana do znalezienia liniowej kombinacji cech, które najlepiej rozróżniają dwie lub więcej klas obiektów lub zdarzeń.

w badaniach populacyjnych. Przywołując informacje o narodzinach genetyki populacji należy wspomnieć o fundamentalnym prawie genetyki populacyjnej. Odkrycie genów pozwoliło ustalić podstawowe prawo ilościowe, określające prawidłowości dziedziczenia w populacjach. Matematyczna formuła tego prawa, zwanego prawem Hardy'ego Weinberga, umożliwia określenie częstotliwości występowania poszczególnych genotypów i alleli w badanej populacji.

Zostało ono sformułowane równocześnie przez dwóch uczonych: matematyka Geoffreya Hardy'ego i lekarza Wilhelma Weinberga w 1908 roku. Zgodnie ze wspomnianym prawem i przy spełnieniu określonych założeń (kojarzenie w populacji jest losowe, dobór naturalny jest wykluczony, nie obserwuje się zjawiska imigracji ani emigracji, populacja jest odpowiednio liczna, nie dochodzi do mutacji) frekwencja (**częstość występowania**) **alleli i genotypów w populacji jest stała** i nie zmienia się w kolejnych pokoleniach. Populacja, której dotyczy to prawo jest w stanie **równowagi genetycznej** i nie przebiegają w niej procesy ewolucyjne.

Krótką historia metod stosowanych w analizach DNA

Około 61 lat temu – 25 kwietnia 1953 roku świat naukowy obiegrała informacja o opisanie budowy cząsteczki DNA przez 3 zespoły: Jamesa Watsona i Francisa Cricka, Rosalindy Franklin i Raymonda Goslinga oraz Maurice'a Wilkinsa, Alexa Stokesa i Herberta Wilsona. Odkrycie to wyznaczyło kierunek badań biologicznych na całe dziesięciolecie. Już 2 lata później Arthur Kornberg odkrył polimerazę DNA (enzym odpowiedzialny za powielanie odcinków DNA) oraz trifosforany deoksynukleozydów w skrócie DTP (substratów do budowy łańcuchów DNA) – był to pierwszy krok w kierunku wynalezienia sposobu powielania DNA *in vitro*. Ale na wynalezienie reakcji łańcuchowej polimerazy PCR (z ang. *Polymerase Chain Reaction*) trzeba było poczekać jeszcze kilkadziesiąt lat. Kolejnym kamieniem milowym genetyki był „centralny dogmat biologii molekularnej” ogłoszony przez Cricka w 1957 r. mówiący o jednokierunkowym przepływie informacji genetycznej wyłącznie od kwasów nukleinowych do białka i nigdy między białkami oraz od białek do kwasów nukleinowych. Kolejne odkrycia pojawiały się lawinowo, a o ich wadze dla nauki mogą świadczyć przyznane nagrody Nobla. W 1968 r. nagrodę tę otrzymali: Marshall Nirenberg, Robert Holley i Har Khorran za rozszyfrowanie kodu genetycznego, natomiast w 1958 r. i 1980 r. Frederick Sanger, zwany ojcem sekwencjonowania, za opracowanie enzymatycznej metody sekwencjonowania DNA. Jedną z wycieczek Kary'ego Mullinsa również została zwieńczona Noblem (1993 r.). Podczas nocnej przejażdżki przez Góry Skaliste wymyślił on metodę powielania DNA: PCR. Umożliwiło to przeniesienie badań populacyjnych z poziomu systematyki, morfologii porównawczej i anatomii na poziom genetyki i porównywania różnic pomiędzy populacjami w obrębie gatunku.

Badania molekularne w aspekcie określenia historii populacji i ich funkcjonowania

Wyniki badań z genetyki populacji poszerzyły naszą wiedzę z zakresu ekologii populacyjnej, jak i ewolucyjnej. Pozwoliły między innymi poznać historię różnych populacji, a także wzorce ich funkcjonowania. Mówiąc o historii populacji rozważmy aspekty badań dotyczących następujących zjawisk: dryfu genetycznego, populacyjnej „szyjki od butelki”, efektu założyciela, izolacji i wsobności. Zaczniemy od dryfu genetycznego. Z definicji jest to proces losowy, dzięki któremu dochodzi do zmian we frekwencji alleli w populacji. Jego efekt zauważalny jest zwłaszcza w małych populacjach. Losowe procesy mogą doprowadzić w nich do utrwalenia lub wyeliminowania poszczególnych alleli w stosunkowo krótkim czasie, a to z kolei obniża poziom zmienności genetycznej. Jako przykład mogą posłużyć tu badania Selandera (1970), który badał zmienność allozymów w dwu loci u myszy domowych. Badane myszy zamieszkiwały dwie sąsiadujące ze sobą stodoły w środkowym Teksasie. Ze względu na to, że osobniki rzadko przechodziły do nowych stodoł, a te, które przeszły, nie były akceptowane przez „mieszkańców”, uznał je za dwie niezależne populacje. Po oszacowaniu wielkości populacji w każdej ze stodoł, Selander stwierdził, że chociaż małe, jak i duże populacje miały tę samą średnią częstość alleli, to małe populacje charakteryzowała znacznie wyższa wariancja zmienności alleli.

Drastyczny spadek liczebności, przez który przechodzi populacja, określa się mianem wąskiego gardła bądź „szyjki od butelki” (ang. *bottleneck*). Szczególnie interesująca wydaje się być sytuacja, gdy nowa populacja zostaje założona przez niewielką liczbę osobników. Mówi się wtedy o tzw. efekcie założyciela. Wykrycie przeszłych zmian w wielkości populacji jest trudnym zadaniem. Siła efektu „szyjki od butelki” zależy m. in. od rozmiarów, do jakich została zredukowana populacja oraz od tempa, w jakim odbudowuje swą liczebność. Przykładem badań ilustrujących to zjawisko było zastosowanie metody elektroforetycznej do badania białek u północnego słonia morskiego (*Mirounga angustirostris*), które wykazało brak zmienności w każdym z 24 loci kodujących enzymy. Wy tłumaczenia tego zjawiska doszukiwano się w historii gatunku. Słoń morski, którego liczebność wynosi obecnie około 30 tysięcy zwierząt, występował w ilości zaledwie 20 osobników w latach 90. XIX w. Tak drastycznie niska liczebność gatunku została spowodowana masowymi polowaniami na te zwierzęta. Doprowadziło to do znacznego ograniczenia ich puli genetycznej (populacja przeszła

bottleneck), a następnie liczebność populacji została odbudowana. Inną interesującą historię ukazały badania genetyczne populacji bernikli hawajskiej, tzw. ne-ne (*Branta sandvicensis*). Ne-ne występowała niegdyś na większości wysp Archipelagu Hawajskiego, ale po przybyciu na wyspy kapitana Cooke'a w 1778 roku, gatunek przetrwał zaledwie na jednej z wysp – Hawai'i. Do połowy XX wieku populacja zmniejszyła się do zaledwie 30 osobników. W celu oszacowania wpływu spadku liczebności na zmienność genetyczną Paxinos i in. porównali polimorfizm sekwencji regionu kontrolnego mtDNA. Próby do analiz pochodziły od osobników z obecnie żyjącej populacji, kolekcji muzealnej, prób archeologicznych i paleontologicznych. Niemal wszystkie analizowane próby miały ten sam haplotyp. Jedynie wśród 14 prób paleontologicznych stwierdzono 7 różnych haplotypów. Różnorodność haplotypowa żyjącej współcześnie populacji wynosiła 0, połączonych prób archeologicznych i muzealnych 0,067, a samych prób paleontologicznych 0,802. Na podstawie powyższych wyników stwierdzono, że ne-ne utraciła większość różnorodności haplotypowej w okresie prehistorycznej ekspansji populacji człowieka. Dzięki takim danym uzyskujemy informacje o tym, w jaki sposób procesy historyczne oddziałują na zmienność genetyczną.

Za pośrednictwem badań genetycznych uzyskujemy także informacje na temat inbrodu (wsobności). Zjawisko inbrodu występuje w efekcie krzyżowania się osobników ze sobą spokrewnionych, co w efekcie prowadzi do ograniczenia zmienności genetycznej. Analizy wsobności dokonano na przykładzie gatunku sukulenta *Agave lechuguilla*. Badania porównawcze tego gatunku z różnych szerokości geograficznych wykazały, że populacje z większych szerokości geograficznych są rzadziej odwiedzane przez owady zapylające w porównaniu z populacjami położonymi bardziej na południu. Rośliny z północnego krańca zasięgu gatunku miały względnie niską H_0 (heterozygotyczność oczekiwaną). Autorzy pracy wnioskowali, że im mniej owadów zapylających, tym częściej dochodzi do samozapylenia, zwiększającego poziom inbrodu, a co z kolei znajduje odzwierciedlenie w niskiej wartości H_0 .

Należy również wspomnieć o bogactwie informacji, jakie niosą za sobą badania i metody molekularne w ekologii behawioralnej. Obecnie badania z zastosowaniem technik molekularnych często stanowią znakomite uzupełnienie badań prowadzonych metodami tradycyjnymi (badania i obserwacje jakościowe, badania liczebności i rozmieszczenia wielu gatunków roślin i zwierząt). Z niewielkich próbek

krwi, włosów, piór, czy innego materiału biologicznego można odczytywać genotypy, badać pokrewieństwo między osobnikami, które z kolei może pomóc w zrozumieniu funkcjonowania systemów rozrodczych i działania doboru krewniaczego. Najlepszymi markerami do oceny rodzicielstwa są fragmenty mikrosatelitarne, jak również markery dominujące, takie jak AFLP. Skuteczność tych markerów potwierdzają wyniki badań identyfikujących np. pokrewieństwo dębów (*Quercus petraea*, *Q. robur*) w lasach Francji. Autorzy prac wykazali, że analiza mniej niż dziesięciu *loci* mikrosatelitarnych wystarczy do stwierdzenia rodzicielstwa, zaś w przypadku wykorzystania AFLP wystarczająca jest dopiero analiza 100–200 *loci*. Informacje, jakie uzyskuje się dzięki genetycznej identyfikacji osobników w populacji doprowadziły do weryfikacji poglądów na temat systemów kojarzeń. U nornicy rudej (*Myodes glareolus*) samice w okresie rozrodczym mają wykluczające się terytoria i areal jednego samca może zachodzić na terytoria kilku samic – sugerowałoby to występowanie poligynii („systemu rozrodczego, w którym jeden samiec jest związany socjalnie z kilkoma samicami”). Badania molekularne z zastosowaniem wysoce polimorficznego *locus* fosfoglukomutazy 3 wykazały istnienie wieloojcostwa (występowania w tym samym miocie potomstwa pochodzącego od kilku ojców) u tego gatunku. Dynamicznie rozwijające się w ostatnich czasach badania nad doбором płciowym opierają się również na danych molekularnych. Na przykład u łososia atlantyckiego (*Salmo salar*) wykazano, że osobniki mające allel MHC najlepiej przeżywają w przypadku zakażenia bakterią *Aeromonas salmonicida* i z tego powodu są preferowanymi partnerami do rozrodu, jako tzw. nosiciele „dobrego” genu. Z kolei u samicy myszy domowej (*Mus musculus*) najlepszymi partnerami są samce, u których *loci* MHC są najbardziej odmienne od ich własnych. Takie działanie może być rozumiane, jako prowadzące do zwiększenia heterozygotyczności potomstwa lub jako sposób na unikanie wsobności. Ten przykład potwierdza hipotezę tzw. zgodności genetycznej opartej na założeniu, że allel jednego z rodziców zwiększy dostosowanie potomstwa tylko wtedy, gdy będzie mu towarzyszył określony allel drugiego.

MtDNA w genetyce populacji i filogeografia

Jednym z częściej używanych markerów, zwłaszcza w badaniach populacji zwierząt, były i są nadal sekwencje mitochondrialnego DNA (mtDNA). O wyborze tego markera decyduje: brak rekombinacji, dość wysokie tempo mutacji, a także proste do

wykonania procedury laboratoryjne. W przypadku zwierząt dostępnych jest sporo uniwersalnych markerów mtDNA, wykorzystywanych w reakcji łańcuchowej polimerazy (PCR). Spowodowało to intensywny rozwój badań głównie z dziedziny filogeografii zwierząt. Analiza markerów mtDNA ma także swoje ograniczenia. Genom ten dziedziczony jest prawie wyłącznie w linii matczynej (w 99,99% przypadków). W rezultacie opisanie historii populacji jest niekompletne, zwłaszcza, że badane *loci* podlegają selekcji. Innym ograniczeniem ze strony mtDNA jest jego podatność na efekt wąskiego gardła. Zjawisko to pociąga za sobą zmniejszanie się puli genetycznej osobników, będące wynikiem zdarzeń losowych np. epidemii bądź katastrofy. Mitochondrialny DNA stanowi zaledwie jedną czwartą wielkości populacji jądrowego DNA, więc nawet, gdy populacja powróci do wcześniejszej wielkości, zachowa się znacznie mniej wariantów mitochondrialnego DNA, aniżeli genotypów DNA jądrowego.

Genetyka populacji jest idealnym narzędziem do pogłębiania wiedzy w zakresie filogeografii. Filogeografia – jest to dziedzina zajmująca się badaniem wpływu wydarzeń historycznych na obecny wzorec rozmieszczenia zmienności genetycznej populacji i gatunków. Poszukuje odpowiedzi w wymiarze zarówno czasowym, jak i przestrzennym. Badania porównawcze populacji ludzkich z całego świata pozwoliły odpowiedzieć na pytanie skąd i kiedy rozprzestrzeniliśmy się jako gatunek. Już w 1998 r. zespół pod kierownictwem L. B. Jorde’a przeprowadził analizy w oparciu o szereg różnych markerów. Poczynając od analizy grup krwi, przez elektroforezę białek po sekwencje mtDNA, RFLP i *loci* mikrosatelitarne ustalili, że ludzie współcześni mają relatywnie niską zmienność genetyczną, a większość różnic tkwi w obrębie większych populacji kontynentalnych aniżeli pomiędzy nimi. Stwierdzili także, że największą zmiennością odznaczają się Afrykańczycy. Jednocześnie największe różnice w obrębie populacji tzw. „Starego Świata” występują pomiędzy ludźmi pochodzącymi z Afryki a nieafrykańczykami. Na podstawie analizy czasu ekspansji demograficznej z pełnym przekonaniem mogli też powiedzieć, że pierwszy wzrost liczby ludności nastąpił jeszcze w Afryce 70 tysięcy lat temu.

Nie tylko określenie czasu i sposobu rozprzestrzeniania się gatunków i ich linii genetycznych jest możliwe. Genetyka populacji umożliwia też stwierdzenie czy mamy do czynienia z mechanizmami naturalnymi, czy też wynikającymi z działalności człowieka. Dobrymi przykładami są europejskie populacje jelenia oraz sarny europejskiej. Jeleń jest ważnym gatunkiem

łowieckim i w swojej historii nieraz wykazywał znaczne wahania liczebności, łącznie z lokalnym wyginięciem. Badania wykazały, że obecna struktura genetyczna jelenia w Europie wschodniej oprócz naturalnej ekspansji jest w dużej mierze ukształtowana przez liczne translokacje i introgresje gatunku w obszary, na których wcześniej wyginął. Sarna europejska jest kolejnym znaczącym gatunkiem łowieckim, stąd też prowadzone były i są liczne badania. Niedawno stwierdzono introgresję genów mtDNA sarny syberyjskiej do genomu sarny europejskiej. Kilka zespołów równolegle podjęło się m.in. odpowiedzi na pytanie czy jest to proces naturalny wynikający z nachodzących zasięgów obu gatunków czy wywołany przez człowieka poprzez przesiedlanie populacji sarny syberyjskiej na tereny występowania sarny europejskiej. Dotychczas opublikowane wyniki promują jeden ze scenariuszy. Grupa Rity Lorenzini na podstawie analiz mtDNA sugeruje, że do introgresji mogło dojść w wyniku naturalnej ekspansji sarny syberyjskiej w obręb zasięgu sarny europejskiej w późnym plejstocenie, na co pozwoliły ówczesne warunki klimatyczne. Również zespół z Uniwersytetu w Białymstoku w oparciu o markery mtDNA, ZFX, SRY, DBY4 i 8 wyraźnie zaznacza, że obserwowana introgresja jest naturalna, a ewentualne przesiedlenia sarny syberyjskiej do Polski miały minimalny wpływ na cały proces.

Porównanie zmienności genetycznej różnych populacji pozwala również na wykrycie refugium glacialnych czyli miejsc, w których panowały wystarczające warunki do przetrwania zlodowaceń. Liczne badania prowadzone pod koniec XX wieku ugruntowały wiedzę na temat istnienia trzech europejskich obszarów refugium – tzw. refugium południowych – półwyspów Apenińskiego, Iberyjskiego i Bałkańskiego. Badania nad filogeografią susłów potwierdziły, że największa zmienność genetyczna cechuje populacje zamieszkujące półwysep Bałkański, jak również południową Pannonię (Węgry, zachodnia Rumunia). Były to obszary źródłowe dla populacji susłów, z których zwierzęta rozprzestrzeniły się na obecnie zajmowane obszary. Badania te pozwoliły na wykrycie refugium położonego bardziej na północ niż dotychczas zakładano. Istnienie tego refugium Karpackiego zostało potwierdzone również przez inne badania filogeograficzne oparte na genetyce populacji.

Dzięki narzędziom genetyki populacji możliwe jest również zidentyfikowanie refugium gatunków morskich. Badania nad algami z gatunku *Palmaria pamata* udowodniły istnienie refugium lodowcowego w wodach kanału La Manche. Stwierdzono, że populacje alg zamieszkujące rejon kanału La Manche

wykazują wyższy poziom różnorodności haplotypowej i nukleotydowej, aniżeli populacje występujące na stanowiskach wzdłuż wybrzeża Europy i Ameryki Północnej.

Innymi badaniami, gdzie wykorzystano m.in. markery mtDNA była ocena struktury genetycznej brytyjskiej populacji sarny europejskiej (*Capreolus capreolus*). Analiza mtDNA wskazała występowanie 27 haplotypów, w obrębie których były 22 miejsca polimorficzne. Różnorodność haplotypowa była największa na północy Wielkiej Brytanii – w Szkocji ($H=0,81$), natomiast u osobników z okolic Norfolk (wschodnia część Wielkiej Brytanii) wykazano brak heterozygotyczności ($H = 0$). Te dane oraz analizy mikrosatelitarne pozwoliły odpowiedzieć na pytanie, jakie czynniki, środowiskowe czy antropogeniczne, mogły wpłynąć na obecną strukturę genetyczną tego gatunku. Inny przykład stanowią badania przeprowadzone przez zespół badawczy z Uniwersytetu w Białymstoku. Podjęli się oni oceny zróżnicowania haplotypów mtDNA w populacji łośia (*Alces alces*) na terenie północno-wschodniej Polski. W wyniku przeprowadzonej analizy (obejmującej próby pozyskane od 45 osobników) wykazano obecność 4 haplotypów. Oszacowane zostały również wartości różnorodności haplotypowej ($H = 0,38$), a także różnorodności nukleotydowej ($\pi = 0,008$). Najczęstszym z występujących haplotypów był haplotyp H1. Jego obecność stwierdzono aż u 34 osobników, wyłącznie z doliny Biebrzy. Wyniki tych badań wskazują, że populacja łośia przeszła efekt wąskiego gardła, który zmniejszył efektywną wielkość populacji, a tym samym zmienność genetyczną. Populacje zamieszkujące pozostałe części Europy różnią się pod względem mtDNA od osobników z doliny Biebrzy. Omawiając ten przypadek należy wspomnieć o tzw. jednostkach zarządzania (MU, ang. *management units*) i jednostkach ważnych ewolucyjnie (ESU, ang. *evolutionary significant units*). MU to „każda populacja, która wymienia tak niewiele migrantów z innymi populacjami, że staje się od nich genetycznie odrębna”, natomiast ESU „składa się z jednej lub kilku populacji, które są izolowane rozrodczo przez długi okres, w których ich ewolucja przebiega niezależnie od innych populacji”. Specjaliści zajmujący się ochroną przyrody podkreślają potrzebę utrzymywania możliwie dużej liczby MU i ESU, ponieważ każda z tych jednostek wnosi niezaprzeczalny wkład w zmienność genetyczną całego gatunku. Odnosząc się do tych informacji biebriańska populacja łośi, a zwłaszcza grupa osobników reprezentujących haplotyp H1, może stanowić przykład jednostki ważnej ewolucyjnie, podlegającej szczególnej ochronie.

Ochrona gatunków zagrożonych i obrona przed gatunkami inwazyjnymi

Genetyka populacji dostarcza także cennych informacji wykorzystywanych w ochronie zagrożonych gatunków. Wyniki tego typu analiz są podstawą opracowywania strategii ochronnych polegających czy to na przesiedlaniu określonych populacji czy też prowadzenia programów hodowlanych. Jednym z gatunków, który w ciągu ostatniego półwiecza ze statusu szkodnika upraw stał się w znacznej części Europy gatunkiem zagrożonym jest chomik europejski. Od ponad 10 lat prowadzone są intensywne badania genetyczne populacji tego gatunku w całej Europie. Dotychczas opisano m.in. istnienie trzech linii filogenetycznych chomika, pomiędzy którymi brak jest przepływu genów. Odkrycie to ma istotne znaczenie w reintrodukcji populacji – planując ją nie można przesiedlać osobników należących do jednej linii genetycznej na obszary występowania drugiej z nich, gdyż może to uniemożliwić krzyżowanie się osobników z dwóch różnych genetycznie populacji, a w efekcie prowadzić do wymarcia przesiedlonej lub/i rodzimej populacji. Może to spowodować, że próby ochrony gatunku będą nieskuteczne.

Inny przykład badań stanowią analizy przeprowadzone na Uniwersytecie Warmińsko-Mazurskim w Olsztynie oraz w Szkole Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie. Analizy opierały się na ocenie zróżnicowania genetycznego populacji żubra europejskiego (*Bison bonasus*). Populacja ta dzieli się na dwie linie: Nizinną-Białowieską i Nizinną-Kaukaską. Ze względu na wysoki poziom inbrodu i efekt wąskiego gardła, zastosowanie standardowych markerów mikrosatelitarnych nie wykazało znaczących różnic pomiędzy badanymi liniami. Badacze spróbowali zatem pokonać to ograniczenie wykorzystując panel SNP (ang. *Single Nucleotide Polimorphism*). Warto dodać, że polimorfizm ten dotyczy występowania pojedynczych zmian w sekwencji DNA i jest to najczęstszy rodzaj polimorfizmu. Spośród 54001 SNPs jedynie 1337 SNPs (2,8%) było polimorficzne. Analiza chi-kwadrat ujawniła istotne różnice w częstości alleli ($P < 0,05$) dla 50 SNPs. Czternaście z nich było monomorficznych w jednej z linii i jednocześnie polimorficznych w drugiej z linii, dzięki czemu były one najbardziej informatywnymi SNP-ami wykazującymi różnice pomiędzy analizowanymi liniami. Tego rodzaju wyniki wskazują, że ten gatunek jest szczególnie narażony na negatywne skutki chowu

wsobnego, czego rezultatem powinno być wzmożenie działań ochrony czynnej w celu podniesienia różnorodności genetycznej.

Innym aspektem jest obrona rodzimych ekosystemów przed gatunkami inwazyjnymi. Są to zwykle gatunki zawleczone w inny obszar geograficzny przez człowieka bądź uciekinierzy z hodowli lub ogrodów. Gatunki te w czasie przystosowywania do nowych siedlisk nabywają specyficzne adaptacje pozwalające zasiedlać nowe tereny i konkurować z rodzimymi gatunkami. Jednym z przykładów jest nornica ruda. W kontynentalnej części Europy jest ona gatunkiem rodzimym, natomiast jest gatunkiem inwazyjnym w Irlandii. Pierwsza introdukcja tych zwierząt miała miejsce w latach 20. XX w. Na podstawie analiz SNP udowodniono, że w ciągu 85 lat ekspansji nornice wykształciły specyficzne adaptacje w genach związanych z odpornością oraz genach związanych z behawiorem mającym wpływ na szybkie tempo ekspansji. Badania nad tymi populacjami i mechanizmami w nich zachodzącymi mogą być podstawą do wypracowania narzędzi walki z inwazją gryzoni.

Podsumowanie

Pomimo, że genetyka populacji jest dość młodą dyscypliną wiedzy, to lista jej osiągnięć jest imponująca i obserwuje się dalszy postęp w tej dziedzinie, przede wszystkim za sprawą rozwoju metod genetyki molekularnej. Dane uzyskiwane tymi metodami pozwoliły oszacować zmienność genetyczną populacji, prześledzić ich historie demograficzne, wskazać pochodzenie i drogi migracji wielu gatunków roślin i zwierząt czy też zrozumieć funkcjonowanie systemów rozrodczych. Bez wątplenia możemy stwierdzić, że w najbliższej przyszłości będziemy obserwować dynamiczny rozwój technik biologii molekularnej, a więc także i genetyki populacyjnej czy szeroko pojętej ekologii. Dostępne staną się bardziej precyzyjne markery molekularne, a biolodzy będą wykorzystywać fragmenty DNA o znanej funkcji. Podstawowe badania będą miały też coraz większy wpływ na ich możliwości zastosowania praktycznego.