

Rekonstrukcja historii ewolucyjnej niedźwiedzia brunatnego na Bałkanach

Niedźwiedź brunatny (*Ursus arctos* L.) jest ikonicznym gatunkiem, przetrwałym masowe wymieranie, które wytrzebiło wiele dużych zwierząt w epoce późnego plejstocenu. Obecnie jest to jeden z najbardziej rozpowszechnionych gatunków niedźwiedzi na obszarze Eurazji i Ameryki Północnej i jedyny gatunek niedźwiedzia, który ciągle wędruje po kontynentalnej Europie. W przeszłości ten duży drapieżnik był szeroko rozpowszechniony w całej Europie, ale działalność człowieka, taka jak polowania i niszczenie siedlisk, znacznie zmniejszyła ich liczbę i terytoria. Obecnie gatunek ten zasiedla fragmentowane siedliska, które znajdują się pod dużym wpływem obecności człowieka. Podczas gdy niektóre kraje europejskie mają stabilne populacje niedźwiedzi brunatnych, inne są zagrożone lokalnym wyginięciem. Ostatnie szacunki wskazują, że Europę zamieszkuje około 17 000 niedźwiedzi brunatnych, podzielonych na dziesięć populacji. Bałkany są ostoją dla trzech z nich: populacji z gór Dynarskich i gór Pindos, karpackiej oraz wschodniobałkańskiej, ze strefami kontaktowymi w Serbii.

Celem naszego projektu jest odtworzenie historii ewolucyjnej niedźwiedzia brunatnego na Bałkanach w ciągu ostatnich 50 000 lat przy użyciu najnowocześniejszych technik biomolekularnych, takich jak sekwencjonowanie całego genomu i analiza stabilnych izotopów. Nasze wstępne wyniki badań holocenów niedźwiedzi brunatnych w Serbii wykazały dużą różnorodność mitochondrialnego DNA (mtDNA), występowanie wszystkich znanych linii europejskich i jednej nowo odkrytej przez nas, co wskazuje, że niedźwiedzie brunatne były bardziej niż przypuszczano zróżnicowane genetycznie w przeszłości. Informacje genetyczne na temat niedźwiedzi brunatnych na Bałkanach są nadal ograniczone, składają się głównie z krótkich fragmentów mtDNA, dlatego istotne jest poszerzenie obecnej wiedzy.

W ramach naszego projektu planujemy przeanalizować około 100 kopalnych i 50 współczesnych próbek niedźwiedzi brunatnych. Kopalne próbki będą stanowiły kości znalezione na stanowiskach paleontologicznych i archeologicznych w Serbii, Bułgarii, Rumunii i we Włoszech, datowanych od późnego plejstocenu do średniowiecza. Współczesne próbki będą pochodziły z populacji gór Dynarskich i gór Pindos i zostaną pozyskane z materiałów, które zostały zebrane wcześniej metodami nieinwazyjnymi bądź od osobników, które zginęły przypadkowo lub pochodzą z polowań.

Wykorzystamy najnowsze techniki genomiki, paleogenomiki i biochemii izotopowej. Badając zarówno mitochondrialne, jak i jądrowe DNA, pozyskamy dane dotyczące całego genomu w celu przeprowadzenia analiz czasowych i przestrzennych. Dane genomowe zostaną połączone ze składem azotu i węgla kolagenu kostnego, aby wywnioskować jakie były preferencje żywieniowe niedźwiedzi brunatnych i zrozumieć ich elastyczność w wybieraniu pokarmu. Bezpośrednie daty radiowęglowe próbek kostnych posłużą jako punkt odniesienia dla skali czasowej uzyskanych danych. Pomoże nam to zrozumieć demografię, pochodzenie, migracje, relacje między osobnikami i populacjami oraz inne czynniki, takie jak erozja genomu w czasie, działanie selekcji i adaptacje do zmieniających się warunków życia. Spodziewamy się, że ten projekt przybliży nas do odpowiedzi na pytanie, dlaczego niedźwiedzie brunatne przetrwały, podczas gdy niedźwiedzie jaskiniowe wyginęły.

Projekt ten zapewni całkowicie nowy wgląd w historię niedźwiedzia brunatnego na Bałkanach, co będzie miało kluczowe znaczenie dla polityki ochrony gatunku, zarówno w regionie, jak i w całej Europie. Dane genomowe obejmujące ostatnie 50 000 lat, w połączeniu ze zrozumieniem przeszłych oraz obecnych presji środowiskowych i ludzkich, będą nieocenione dla zapewnienia przyszłości tych zwierząt.