

Streszczenie

W niniejszej pracy przeprowadzono analizę mtDNA ośmiu osobników rodzaju *Lepus* oraz 20 osobników rodzaju *Ochotona* pochodzących z Europy Środkowej oraz Środkowo-Zachodniej. Najstarsze próby datowano na 23 000 lat. Do analizy wykorzystano sekwencje fragmentów mitochondrialnego DNA- cytochromu b, i/ oraz regionu kontrolnego. DNA wyizolowano metodą fenolowo-chloroformową oraz przy użyciu kolumnienek Vivaspin®. Wśród osobników rodzaju *Lepus* znajdowali się przedstawiciele gatunku *L. tanaiticus*, natomiast wśród osobników rodzaju *Ochotona* znajdowali się przedstawiciele gatunku *O. spelaea*. Oba taksony pod koniec plejstocenu wyraźnie zawężyły swój areal do czasu, aż wymarły. Hipoteza badawcza zakładała z jednej strony odrębność taksonomiczną form *L. tanaiticus* pochodzących z terenów peryglacialnych Europy Środkowej od aktualnie zbadanych przedstawicieli tego rodzaju pochodzących z Syberii, a z drugiej obecność gatunku *Ochotona spelaea* na terenie Europy Środkowej w XIX w. i jego sympatryczne występowanie ze współcześnie istniejącym gatunkiem rodzaju *Ochotona* – *Ochotona pusilla*. W celu porównań i weryfikacji otrzymanych wyników do analizy użyte zostały również sekwencje cytochromu b oraz regionu kontrolnego dostępne w bazie GenBank. Temat pracy łączył w sobie zgromadzoną współczesną wiedzę paleontologiczną dotyczącą ewolucji rodzaju *Lepus* oraz *Ochotona* z jeszcze niedostateczną wiedzą nt. sekwencji mtDNA wymarłych grup tych rodzajów.

Analiza sekwencji ośmiu plejstocenijskich oraz holocenijskich osobników rodzaju *Lepus* pochodzących z Europy Środkowo-Wschodniej w oparciu o region kontrolny, wykazała ich powiązanie z gatunkiem *Lepus timidus*, jednak nie wykluczyła możliwości istnienia odrębnej jednostki taksonomicznej (nie definiując poziomu taksonomii) utworzonej przez osobniki plejstocenijskie. Zarówno sekwencje cytochromu b jak i fragmenty sekwencji połączonych nie poprawiły rezultatów weryfikacji statusu taksonomicznego analizowanych osobników, tym niemniej nie wykluczyły powyższej hipotezy. Sekwencje mitochondrialnego cytochromu b 20 osobników rodzaju *Ochotona* z plejstocenu i holocenu Europy Zachodniej i Środkowej wykazały wysokie podobieństwo do sekwencji współczesnego gatunku *Ochotona pusilla*. Wobec tego, z dużym prawdopodobieństwem można stwierdzić, iż szczątki odnalezione na terenie Europy Środkowej (sprzed 150 oraz 550 lat), jak również osobniki zasiedlające Europę Zachodnią (z plejstocenu) należały do *O. pusilla*.

Słowa kluczowe: *Lepus*, *Ochotona*, kopalne DNA, filogenetyka molekularna, plejstocen

Emilia Robinek

26.10.2016

Abstract

In this work eight individuals of genus *Lepus* and twenty individuals of genus *Ochotona* from Central Europe and Central and Western Europe were examined. The oldest samples were 23 000 years old. MtDNA sequences fragments of cytochrome b and/or control region were used to the analysis. DNA was isolated with phenol-chloroform method and using Vivaspin® filters. Among genus *Lepus* individuals there were *Lepus tanaiticus* representatives, and among genus *Ochotona* individuals there were *Ochotona spelaea* samples. Both taxons at the end of Pleistocene narrowed their areas until extinct. Research hypothesis assumed, on the one hand, taxonomic distinctiveness of *L. tanaiticus* from periglacial areas of Central Europe from the currently investigated representatives of this genus originated from Siberia, and, on the other hand, the presence of *Ochotona spelaea* species in Central Europe in the nineteenth century and its sympatric occurrence with contemporary existing species of genus *Ochotona* – *Ochotona pusilla*. In order to compare and verify obtained results the sequences of cytochrome b and control region available in GenBank were used for anlysis. Work combined the accumulated paleontological knowledge of *Lepus* and *Ochotona* evolution with still insufficient knowledge of mtDNA sequences of these genera extinct groups.

Control region sequences analysis of eight Pleistocene and Holocene *Lepus* individuals from Central and Eastern Europe showed their association with *Lepus timidus* species, however, did not preclude the existence of a separate taxonomic units (without defining the level of taxonomy) created by Pleistocene individuals. Both cytochrome b sequences and combined fragments did not improve the verification of taxonomic status results of the analyzed specimens, however that does not exclude the above hypothesis. The sequences of the mitochondrial cytochrome b 20 *Ochotona* individuals of Pleistocene and Holocene Western and Central Europe have revealed high sequence similarity to the modern species-*Ochotona pusilla*. Therefore, with high probability it can be said that the remains found in Central Europe (150 and 550 years old), as well as individuals inhabiting Western Europe (the Pleistocene) belonged to *O. pusilla*.

Key words: *Lepus*, *Ochotona*, ancient DNA, molecular phylogenetics, Pleistocene

Emilia Rabiniewicz

26.10.2016