

ABSTRAKT

W pracy w oparciu o sekwencje mikrosatelitarnego oraz mitochondrialnego DNA stworzono charakterystykę genetyczną gatunku *Meles meles* z terenu Europy środkowej. Na podstawie sekwencji mikrosatelitarnych określono zróżnicowanie oraz strukturę genetyczną tej populacji. Sekwencje regionu kontrolnego mtDNA posłużyły zarówno do określenia polimorfizmu w obrębie w/w sekwencji, jaki i do przeprowadzenia molekularnej analizy filogenetycznej gatunku *Meles meles*. Do badań wykorzystano 172 próby mięśni i włosów borsuków pozyskanych z obszaru Europy środkowej. Z terenu Polski uzyskano 98 prób pochodzących z różnych części kraju, próbki z pozostałej części Europy środkowej pochodziły z następujących krajów: Niemcy (27), Węgry (8), Austria (30), Estonia (9). W analizach wykorzystano 17 markerów mikrosatelitarnych oraz fragment regionu kontrolnego mitochondrialnego DNA o długości 594 par zasad (76 osobników, obszar Polski). W populacji borsuka na terenie Polski wykryto siedem haplotypów mtDNA i osiem pozycji wykazujących polimorfizm. Przeprowadzona analiza filogenetyczna (bazująca na sekwencjach własnych oraz pozyskanych z bazy Genbank) wykazała istnienie na terenie Europy środkowej jednej grupy filogenetycznej. Nie zaobserwowano również wyraźnej struktury w rozmieszczeniu poszczególnych haplotypów mtDNA na terenie Polski. Zatem polska populacja borsuków na podstawie analiz mtDNA należała do tej samej grupy filogenetycznej co populacje z Europy zachodniej. Zróżnicowanie genetyczne populacji borsuków pochodzących z centralnej Europy obliczone na podstawie sekwencji mikrosatelitarnych było umiarkowane (zakres $A=6,29-4,47$, $H_e=0,69\pm0,19-0,61\pm0,12$, $H_o=0,69\pm0,19-0,58\pm0,20$). Wartość bogactwa allelicznego (A_r) badanej populacji wynosiła średnio $A_r=4,46$, zakres 3,81-4,35. Stwierdzono wyraźne różnice genetyczne między poszczególnymi populacjami na terenie Europy środkowej, świadczące o tym, iż badana populacja nie jest panmiktyczna. Oba programy służące do wyznaczenia struktury genetycznej populacji (STRUCTURE i Geneland), wykazały istnienie trzech kładów genetycznych w badanym zbiorze danych. Zatem prawdopodobnie jest że, na kształtowanie się obecnej struktury genetycznej borsuka w Europie środkowej w skali lokalnej miały również wpływ czynniki antropogeniczne.

Słowa kluczowe: borsuk, *Meles meles*, mtDNA, mikrosatelity, struktura genetyczna.

Kochan Joanna

ABSTRACT

The aims of this study were to determine the genetic variability of the Eurasian badger (*Meles meles*) population in Central Europe as well as to gain a greater understanding of gene flow and genetic structure of those populations. We collected muscle, ear or hair samples from a total of 172 badgers from altogether 7 different locations. We amplified a 594-base-pair fragment of the mitochondrial control region (76 samples from Poland) which were used to analyse the phylogeography of the species, altogether with samples from Genbank. All 172 samples were also genotyped using 17 microsatellite *loci*. We obtained 98 samples from different regions of Poland and 78 samples from other European countries: Germany (27), Hungary (8), Austria (30), Estonia (9). Model based clustering method as well as genetic statistics were used to detect any genetic structure in the badger's population. The analysis based on mtDNA control region data found only a single phylogeographic group within Central Europe. Our data showed no clear structure in the distribution of the haplotypes in Poland. It seems that Polish badger population, on the basis of mtDNA analyses, belongs to the same phylogeographic group as the populations from Western Europe. Genetic diversity of badger populations from Central Europe, calculated with microsatellite *loci* was moderate (range $A = 6,29-4,47$, $H_e = 0,6905 \pm 0,199-0,6127 \pm 0,12$, $H_o = 0,6957 \pm 0,198-0,5809 \pm 0,207$). We found a mean allelic richness value (A_r) equal 4,46 (range 3,81-4,35). The Eurasian badger has showed large-scale genetic structuring in Central Europe, and both programs (STRUCTURE and Genland) indicated a clear substructuring of the complete dataset into three genetic clades. Our investigation allowed us to conclude that anthropogenic factors are likely to play an important role in the local-scale population structure of Central Europe badger populations.

Key words: badger, *Meles meles*, mtDNA, microsatellites, genetic structure.

Krzysztof Jędrzejewski