

## Zastosowania badań genetycznych w ekologii i ochronie przyrody

W ciągu ostatnich lat techniki genetyki molekularnej znajdują coraz szersze zastosowanie w ekologii i ochronie przyrody. Jakkolwiek tradycyjne techniki badawcze pozwalają odpowiedzieć na wiele podstawowych pytań związanych z biologią i ekologią gatunku (np. dieta, zasięg migracji, wielkość areалу osobników, liczba potomstwa etc.), istnieje wiele dziedzin, w których narzędzia genetyczne dają odpowiedzi znacznie bardziej precyzyjne lub są jedynym sposobem na uzyskanie informacji.

Prawdziwym przełomem zarówno w genetyce molekularnej, jak i ekologicznej było wynalezienie w połowie lat osiemdziesiątych XX wieku techniki nazywanej łańcuchową reakcją polimerazy – w skrócie PCR (ang. *Polymerase Chain Reaction*). Jest to reakcja enzymatyczna pozwalająca na powielenie wybranego fragmentu DNA w wielu milionach kopii. W ciągu 20 lat od wynalezienia PCR analizy polimorfizmu DNA niemal zupełnie wyparty stosowaną wcześniej elektroforezą enzymów. Dzięki ogromnej czułości tej metody możliwa stała się analiza próbek zawierających znikome ilości DNA, takich jak: pojedyncze włosy, odchody, okazy muzealne, czy nawet materiał kopalny, zwłaszcza że DNA jest bardziej stabilne od białek i wolniej ulega rozkładowi. Ponadto elektroforeza enzymów często wymagała zabicia osobnika, aby pobrać próbki z organów wewnętrznych, w których enzymy są produkowane. Możliwość nieinwazyjnego pobierania materiału genetycznego ma szczególne znaczenie w badaniach nad zwierzętami chronionymi, ponieważ pozwala na przeprowadzenie wielu analiz nawet bez konieczności niepokojenia zwierząt.

W ekologii i ochronie przyrody genetyka molekularna najczęściej jest wykorzystywana do analiz poziomu wewnątrz- i międzypopulacyjnej oraz międzygatunkowej zmienności genetycznej. Pierwsze modele matematyczne dotyczące mechanizmów kształtowania się zmienności genetycznej w populacjach powstały w latach dwudziestych XX wieku. Dopiero niemal pół wieku później empirycznie zweryfikowano ich przewidywania, kiedy pod koniec lat sześćdziesiątych po raz pierwszy wykorzystano elektroforezę białek w badaniach gatunków dziko żyjących. W latach siedemdziesiątych, analizując poziom zmienności dwóch gatunków słońia morskiego, po raz pierwszy stwierdzono działanie dryfu genetycznego. Północny słoń morski *Mirounga angustirostris* został na przełomie XIX i XX wieku niemal doszczętnie wytępiony. Badania genetyczne wykazały prawie kompletny brak zmienności genetycznej tego gatunku, podczas gdy południowy słoń morski *Mirounga leonina*, którego populacje nigdy nie zostały tak mocno zredu-

kowane, wciąż posiada normalny poziom zmienności. Monitorowanie zmienności wewnątrzpopulacyjnej gatunków zagrożonych może pozwolić na uniknięcie szkodliwych efektów depresji wsobnej, a tym samym zwiększa szanse na ocalenie gatunku.

Z punktu widzenia praktycznej ochrony przyrody jest szalenie istotne, jakie jest natężenie migracji pomiędzy populacjami chronionego gatunku. Postępująca fragmentacja siedlisk może prowadzić do zaniechania migracji, a w konsekwencji ujednolicenia genetycznego poszczególnych subpopulacji. Znakowanie zwierząt odegrało ogromną rolę w badaniach migracji i dyspersji, aczkolwiek nie daje ono pełnego obrazu łączności między populacjami, ponieważ zwykle nie jesteśmy w stanie stwierdzić, czy osobnik zdołał się skutecznie zintegrować z nową populacją. Analizując skład genetyczny dwóch populacji, możemy określić natężenie przepływu genów pomiędzy populacjami. Na tej podstawie można poznać rzeczywiste granice populacji, a dzięki temu np. wskazać, jaki obszar należy objąć ochroną, aby zapewnić jej naturalne warunki funkcjonowania. Dzięki zastosowaniu nowoczesnych technik statystycznych do analiz danych genetycznych niekiedy można precyzyjnie określić pochodzenie osobnika.

Zastosowanie analiz genetycznych w taksonomii i systematyce pozwoliło rozwiązać wiele wątpliwości i rozwiązać wiele sporów dotyczących rekonstrukcji filogenezy różnych grup organizmów. Wystarczy wybrać marker genetyczny o odpowiedniej rozdzielczości, aby analizować dowolny poziom taksonomiczny. Niejednokrotnie okazywało się, że tradycyjna systematyka oparta na analizie cech morfologicznych prowadziła do całkowicie błędnych wniosków, gdyż cechy służące do wydzielenia jednostek taksonomicznych zwykle są subiektywnie wybierane przez badacza, a ponadto wpływ środowiska może zacierać efekty genetyczne. Na przykład organizmy rozwijające się w dogodnych warunkach zwykle są większe niż te, które rozwijały się w warunkach trudniejszych, i badacz może wyciągnąć mylne wnioski, jeśli wybierze wielkość ciała jako jedną z cech, na podstawie których będzie budować systematykę danej grupy.

Nawet w przypadku zwierząt tak wielkich i spektakularnych jak słonie dopiero w latach dziewięćdziesiątych XX wieku dzięki analizom genetycznym udało się poprawnie rozgraniczyć gatunki. Tradycyjnie słonie dzielono na dwa gatunki: słoń afrykański i słoń indyjski. Słoń afrykański był dzielony na trzy podgatunki – leśny, stepowy i sawannowy. Analiza sekwencji DNA mitochondrialnego wykazała jednak, że podgatunek leśny różni się bardzo od pozostałych podgatunków, a na dodatek jest dużo bliżej spokrewniony ze słoniem indyjskim niż z jakimkolwiek innym podgatunkiem słonia afrykańskiego. Wynik ten wskazuje jednoznacznie, że podgatunek słonia leśnego należy podnieść do rangi gatunku.

Taksonomia molekularna pozwoliła uporządkować podział podgatunkowy wielu gatunków. Przez lata wielu systematyków za punkt honoru przyjmowało opisanie w ciągu swojego życia jak największej liczby podgatunków. Wystarczyła niewielka przerwa w zasięgu gatunku, aby lokalna populacja uznawana była za kolejny podgatunek. Chociaż naukowcy wciąż spierają się, w jaki sposób zdefiniować kryteria dla wydzielenia poszczególnych poziomów taksonomicznych na podstawie różnic genetycznych, to nie ulega wątpliwości, że to właśnie dane genetyczne będą w przyszłości decydowały

o podziale taksonomicznym. Takie podejście ma również tę zaletę, że zbudowana w ten sposób systematyka jest znacznie bardziej stabilna i obiektywna, a gatunki wydzielone na podstawie różnic genetycznych znacznie bardziej odpowiadają powszechnie przyjmowanej biologicznej definicji gatunku. Analizy genetyczne pozwalają również uniknąć przyznawania statusu gatunku mieszańcom międzygatunkowym. Taksonomia molekularna może być także wykorzystywana w analizie materiału dowodowego w procesach np. o nielegalne pozyskanie mięsa, szczególnie w sytuacji, kiedy jedynym dostępnym dowodem są materiały wysoko przetworzone. Śladowe ilości DNA wciąż znajdujące się w takich produktach są wystarczające do przeprowadzenia odpowiednich analiz.

Analizy pokrewieństwa oparte na DNA pozwoliły obalić wiele mitów dotyczących systemów kojarzeniowych rozmaitych gatunków. Badania genetyczne są jedynym wiarygodnym źródłem informacji na temat pokrewieństwa. Często okazywało się, że u gatunków powszechnie uważanych za monogamiczne spora część potomstwa pochodzi z kojarzeń poza parą. Na podstawie danych genetycznych można określić tzw. efektywną wielkość populacji. Wbrew wcześniejszym przewidywaniom u większości gatunków efektywna wielkość populacji jest nawet 10 razy mniejsza niż rzeczywista liczebność gatunku. O ile można się było spodziewać takiego wyniku w przypadku zwierząt, u których samice grupują się w haremy „należące” do dominującego samca, tak jak to się dzieje u jeleni czy wspomnianych już słoni morskich, o tyle było to zaskoczeniem w przypadku innych zwierząt.

Badania genetyczne są z powodzeniem stosowane do oceny liczebności populacji zwierząt. Do tego celu wykorzystywana jest genetyczna identyfikacja osobników podobna do tej stosowanej w kryminalistyce. Aby policzyć zwierzęta zamieszkujące określony obszar, należy zebrać próbki odchodów, wypluwek czy sierści, a następnie wyizolować z nich DNA, zidentyfikować genotypy poszczególnych osobników i wykorzystując odpowiednie metody statystyczne, obliczyć, jaka jest rzeczywista liczba osobników zamieszkujących określone terytorium. Wbrew powszechnemu przekonaniu koszty takich analiz bywają porównywalne z kosztami tradycyjnych metod liczenia zwierząt. Niezaprzeczalną zaletą tej metody jest to, że oznaczony genotyp charakteryzuje konkretnego osobnika, dzięki czemu metoda jest obiektywna i powtarzalna, w przeciwieństwie do metod polegających na szacowaniu zagęszczenia na podstawie tropów czy śladów, gdzie do wyznaczenia rzeczywistej liczby osobników używany jest założony z góry przelicznik.

Reakcja PCR może być również wykorzystywana do detekcji DNA pasożytów w materiale genetycznym wyizolowanym z krwi czy odchodów. Dowiedziono, że ta metoda w porównaniu z metodami tradycyjnymi, opartymi na analizie mikroskopowej, jest znacznie skuteczniejsza w wykrywaniu wielu gatunków pasożytów.

### Zagadnienia/pytania problemowe

- Jakie procesy kształtują zmienność genetyczną?
- Jaka jest rola między populacyjnej zmienności genetycznej w ochronie przyrody?
- W jaki sposób osiągnięcia genetyki molekularnej można wykorzystać dla celów ochrony przyrody?