

Tabele

Tabela 1. Nazwy i symbole badanych populacji łośi oraz maksymalna wielkość prób (tj. liczba osobników, dla których po przeprowadzeniu amplifikacji obecne były produkty reakcji PCR). Populacje o numerach 1 – 14 zostały uwzględnione w analizach zróżnicowania genetycznego. Pozostałe populacje o numerach 15 – 29 wraz z populacjami nr 1 – 14 posłużyły do uzyskania ogólnego obrazu zmienności genetycznej łośia w Polsce.

Lp.	Populacja	Symbol	Maksymalna wielkość próby
1.	dolina Biebrzy	BIE	155
	basen górny doliny Biebrzy	gBIE	22
	basen środkowy doliny Biebrzy	śBIE	32
	basen dolny doliny Biebrzy	dBIE	101
2.	Puszcza Augustowska	PAU	34
3.	Puszcza Knyszyńska	PKN	18
4.	Narwiański Park Narodowy	NPN	27
5.	Nadleśnictwo Myszyniec	MSZ	13
6.	Nadleśnictwo Mrągowo	MRG	18
7.	Nadleśnictwo Srokowo	SRO	17
8.	Nadleśnictwo Kwidzyn	KWD	14
9.	Nadleśnictwo Lidzbark	LDZ	21
10.	Kompleks Gostynińsko-Włocławski	GWL	37
11.	Kampinoski Park Narodowy	KPN	67
12.	Nadleśnictwo Radziwiłłów	RDZ	30
13.	Poleski Park Narodowy	PPN	49
14.	Litwa	LIT	15
15.	Białowiecki Park Narodowy	BPN	5
16.	Nadleśnictwo Bartoszyce	BRT	6
17.	Nadleśnictwo Młynary	MLN	4
18.	dolina Noteci	NOT	18
19.	Konarzewo/Kołoברזeg	KON	6
20.	Nadleśnictwo Ciechanów	CCH	2
21.	Nadleśnictwo Łochów	LCH	7
22.	Nadleśnictwo Grójec	GRJ	2
23.	Nadleśnictwo Opoczno	OPC	12
24.	Nadleśnictwo Siewierz	SWR	2
25.	Nadleśnictwo Staszów	STA	3
26.	Nadleśnictwo Dąbrowa Tarnowska	DRT	9
27.	Magurski Park Narodowy	MPN	4
28.	Nadleśnictwo Jarosław	JAR	5
29.	Bawaria/Niemcy	GER	9

Tabela 2. Współrzędne geograficzne i liczebność badanych genetycznie populacji łośi. Populacje o numerach 1 – 14 zostały uwzględnione w analizach zróżnicowania genetycznego. Pozostałe populacje o numerach 15 – 29 wraz z populacjami nr 1 – 14 posłużyły do uzyskania ogólnego obrazu zmienności genetycznej łośia w Polsce.

Lp.	Populacja	Szacowana wielkość populacji (stan na 2010/2011 r.)	Udział (%) zanalizowanych osobników w stosunku do całej populacji	Szerokość geograficzna (N)	Długość geograficzna (E)
1.	BIE	941	16	53°24'25"	22°47'43"
2.	PAU	346	10	53°58'46"	23°17'23"
3.	PKN	131	14	53°10'35"	23°48'47"
4.	NPN	294	9	53°07'59"	22°44'02"
5.	MSZ	62	21	53°22'50"	21°20'58"
6.	MRG	70	26	53°51'51"	21°18'17"
7.	SRO	65	26	54°12'49"	21°31'15"
8.	KWD	30	47	53°43'35"	18°55'56"
9.	LDZ	64	33	53°15'45"	19°49'35"
10.	GWL	161	23	52°38'54"	19°04'04"
11.	KPN	120	56	52°18'00"	20°49'48"
12.	RDZ	125	24	51°58'43"	20°21'01"
13.	PPN	150	33	51°23'37"	23°11'41"
14.	LIT	6757\$	0,2	54°53'49"	23°53'33"
15.	BPN	17	29	52°54'04"	23°38'29"
16.	BRT	36	17	54°15'12"	20°48'29"
17.	MLN	8	50	54°11'11"	19°43'13"
18.	NOT	40	45	53°09'03"	16°44'18"
19.	KON	12	50	54°10'33"	15°34'60"
20.	CCH	50	4	52°52'53"	20°37'11"
21.	LCH	69	10	52°31'51"	21°40'55"
22.	GRJ	35	6	51°51'56"	20°51'60"
23.	OPC	21	57	51°22'31"	20°16'44"
24.	SWR	42	5	50°27'60"	19°13'49"
25.	STA	23	13	50°33'47"	21°09'57"
26.	DRT	15	60	50°10'29"	20°59'11"
27.	MPN	10	40	49°30'40"	21°30'01"
28.	JAR	34	15	50°01'08"	22°43'11"
29.	GER	24*	37	48°47'26"	11°29'52"

\$ – dane oficjalne, jednak wysoce wątpliwe.

* – stan populacji na 2007 rok.

Tabela 3. Startery oraz profile reakcji PCR stosowane w amplifikacji poszczególnych odcinków DNA u badanych łosi.

Gen	Starter	Sekwencja 5' → 3'	N	Profil reakcji PCR	Źródło
<i>mtDNA-cr</i>	LGL283 ISM015	TACACTGGTCTTGTA AAC ATGGCCCTGTAGAAAGA AC	612	Profil A	Hundertmark i wsp. (2002)
<i>mtDNA-cr</i>	CrS2-F CrS2-R	TACAGTTTTG TACTCAACAGCCATA TGTTGGTTTCACGCGGCATG	91	Profil A	Niniejsza praca
<i>mtDNA-cr</i>	CR 237-F CR 237-R	CAGTTTTG TACTCAACAGCCATA AAGCATGGGGTAAATAATGTAATG	87	Profil A	Niniejsza praca
<i>cytb</i> <i>mtDNA</i>	ML103 MH104	GACTAATGATATGAAAAACCATCGTTG TTGTTCTTCATCTCTGGTTTACAAGAC	11	Profil A	Chikuni i wsp. (1995)
<i>DBY4</i>	DBY4-F DBY4-R	TGATGGTATTGGYRRTCGTGA CGGTTGCCTCTACTGGTATA	15	Profil B	Hellborg i Ellegren (2003)
<i>DBY7</i>	DBY7-F DBY7-R	GGTCCAGGAGARGCTTTGAA CAGCCAATTCTCTTGTTGGG	30	Profil A	Hellborg i Ellegren (2003)
<i>DBY8</i>	DBY8-F DBY8-R	CCCCAACAAGAGAATTGGCT CAGCACCACCATAKACTACA	25	Profil A	Hellborg i Ellegren (2003)
<i>DBY9</i>	DBY9-F DBY9-R	CTAGAGTTCGTCCTTGTTGTA AATCCCTATTCCAGCATCCT	17	Profil A	Hellborg i Ellegren (2003)
	DBY9_alcesF DBY9_alcesR	ATTAGACGTGGATGTCACTTGT CATACAGATCACATAACCAAATTAGCT	14	Profil A	Niniejsza praca
<i>DBY14</i>	DBY14-F DBY14-R	CAAGAAGTGCCTTCTTGTTG GGCTCCAAATCCTCCACTG	29	Profil A	Hellborg i Ellegren (2003)
	DBY14_alcesF DBY14_alcesR	CCATTACTGTACAAGTGAC AAATCCTCCACTGAATCTA	236	Profil B	Niniejsza praca

Tabela 3 (cd). Startery oraz profile reakcji PCR stosowane w amplifikacji poszczególnych odcinków DNA u badanych łosi.

Gen	Starter	Sekwencja 5' → 3'	N	Profil reakcji PCR	Źródło
<i>UBE1Y6</i>	UBE1Y6-F UBE1Y6-R	CCCCTGCAGACCKRCAT AAGGCCAAGTTGATRAARTC	8	Profil A	Hellborg i Ellegren (2003)
<i>UTY5</i>	UTY5-F UTY5-R	TTGGTTTGGTCTAYTTCTAC GGTCAACATAAAGGACRTCT	8	Profil A	Hellborg i Ellegren (2003)
<i>UTY11</i>	UTY11-F UTY11-R	CATCAATTTTGTAYMAATCCAAA TGGTAGAGAAAAGTCCAAGA	18	Profil B	Hellborg i Ellegren (2003)
<i>SRY</i>	SRY-alcesF SRY-alcesR	TG TTCAGAGTATTGAACGATGATGTT TATTGAAAATAAGCGCAAGAAAGTCCAGGCT	16	Profil A	Niniejsza praca
<i>Zfx</i>	Zfx_cervidF Zfx_cervidR	ATAGCATGGGCAGCAGCTTA TCCATCAGAATTATTACCTAACAAATGTGCA	25	Profil A	Niniejsza praca
<i>MHC II DRB</i>	HLO30 HLO32	ATCCTCTCTCTGCAGCACATTTCC TCGCCGCTGCACAGTGAAACTCTC	245	Profil C	Mikko i Andersson (1995)

N – wielkość próby, tj. liczba zbadanych osobników za pomocą danej pary starterów.

Tabela 4. Startery i znaczniki fluorescencyjne testowanych 38 par loci mikrosatelitarnego DNA u badanych łosi.

Lp.	Starter	Znacznik fluorescencyjny	Źródło
1.	BL42	PET	Bishop i wsp. (1994)
2.	BM1225	FAM	Bishop i wsp. (1994)
3.	BM1258	NED	Hediger i wsp. (1991)
4.	BM2830	FAM	Bishop i wsp. (1994)
5.	BM4513	VIC	Bishop i wsp. (1994)
6.	BM861	NED	Bishop i wsp. (1994)
7.	BM888	FAM	Bishop i wsp. (1994)
8.	BMC1009	NED	Bishop i wsp. (1994)
9.	BovirBP	PET	Moore i wsp. (1992)
10.	CelJP15	NED	Pemberton i wsp. (1995)
11.	Cer14	FAM	Steffen i wsp. (1993)
12.	CSM003	VIC	Moore i wsp. (1994)
13.	Haut14	FAM	Steffen i wsp. (1993)
14.	INRA003	VIC	Vaiman i wsp. (1992)
15.	INRA124	NED	Vaiman i wsp. (1994)
16.	INRA189	VIC	Kappes i wsp. (1997)
17.	INRA35	FAM	Steffen i wsp. (1993)
18.	IOBT965	NED	Bishop i wsp. (1994)
19.	MAF46	NED	Swarbrick i wsp. (1992)
20.	MAF70	FAM	Buchanan i Crawford (1992)
21.	McM130	PET	Hulme i wsp. (1994)
22.	McM58	PET	Hulme i wsp. (1994)
23.	MM12	NED	Moore i wsp. (1992)
24.	NVHRT01	NED	Røed i Midthjell (1998)
25.	NVHRT21	VIC	Røed i Midthjell (1998)
26.	NVHRT24	NED	Røed i Midthjell (1998)
27.	OarFCB193	FAM	Buchanan i Crawford (1993)
28.	OarFCB20	VIC	Buchanan i wsp. (1994)
29.	OarFCB304	VIC	Buchanan i Crawford (1993)
30.	RT5	FAM	Wilson i wsp. (1997)
31.	RT9	PET	Wilson i wsp. (1997)
32.	RT23	VIC	Wilson i wsp. (1997)
33.	RT24	PET	Wilson i wsp. (1997)
34.	RT27	PET	Wilson i wsp. (1997)
35.	RT30	NED	Wilson i wsp. (1997)
36.	TGLA53	PET	Barendse i wsp. (1994)
37.	UMN2001	PET	Liu i wsp. (2003)
38.	UMN2404	FAM	Liu i wsp. (2002)

FAM – znacznik niebieski, *NED* – znacznik czarny, *PET* – znacznik czerwony, *VIC* – znacznik zielony.

Tabela 5. Sekwencje starterów i znaczniki fluorescencyjne analizowanych 11 loci mikrosatelitarnego DNA u łosi z podziałem na dwa panele.

Panel	Startery dla poszczególnych loci	Przedziały długości alleli (pz)	Znacznik fluorescencyjny	Sekwencje starterów 5' → 3'
Panel I	BM1258	88 – 112	NED	GTATGTATTTTTCCCACCCTGC GAGTCAGACATGACTGAGCCTG
	OarFCB193	103 – 122	FAM	TTCATCTCAGATGGGATTCAGAAAGGC GCTTGGAAATAACCCTCCTGCATCCC
	RT5	140 – 172	FAM	CAGCATAATTCTGACAAGTG AATTCCATGAACAGAGGAG
	NVHRT21	156 – 176	VIC	GCAGCGGAGAGGAACAAAAG GGGGAGGAGCAGGGAAATC
	RT30	191 – 207	NED	CACTTGGCTTTTGGACTTA CTGGTGTATGTATGCACACT
	BM1225	229 – 255	FAM	TTTCTCAACAGAGGTGTCCAC ACCCCTATCACCATGCTCTG
Panel II	MAF46	91 – 113	NED	AAATACCCTATAAGGCACAGTACCAC CACCATGGCCACCTGGAATCAGG
	BM4513	123 – 139	VIC	GCGCAAGTTTCCTCATGC TCAGCAATTCAGTACATCACCC
	MAF70	128 – 162	FAM	CACGGAGTCACAAAGAGTCAGACC GCAGGACTCTACGGGGCCTTTGC
	McM58	176 – 216	PET	CTGGGTCTGTATAAGCACGTCTCC CAGAACAATAAACGCTAAACCAGAGC
	Cer14	218 – 231	FAM	TCTCTTGCGTCTCCTGCATTGAC AATGGCACCCACTCCAGTATTCTTC
	SRY	333	VIC	CACAGACAATCGCAGCGCAAATGATC TTGAAGAGTCTGCAGGAAGCAATTTC

FAM – znacznik niebieski, *NED* – znacznik czarny, *PET* – znacznik czerwony, *VIC* – znacznik zielony.

Tabela 6. Frekwencja 12 haplotypów mtDNA-cr o długości 607 pz w badanej próbie łośi z Polski, Litwy i Niemiec.

Haplotyp \ Próba	H1	H2	H3	H4	H6	H10	H11	H12	H13	H17	H20	H22
POLSKA	0,364	0,270	0,120	0,050	0,002	0,020	0,130	0,010	0,020	0,010	0,002	0,002
POLSKA*	0,221	0,300	0,140	0,060	0,003	0,010	0,200	0,010	0,040	0,010	0,003	0,003
LITWA	0,06	0,47	0,20	0,27	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
NIEMCY	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

POLSKA* – próba z Polski utworzona przez 12 populacji łośi, bez populacji łośi z doliny Biebrzy.

Tabela 7. Frekwencja 12 haplotypów mtDNA-cr o długości 607 pz w 13 populacjach łośi z Polski.

Haplotyp Pop	H1	H2	H3	H4	H6	H10	H11	H12	H13	H17	H20	H22
BIE	0,81	0,14	0,01	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
gBIE	0,30	0,52	0,00	0,18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
śBIE	0,76	0,18	0,03	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
dBIE	0,93	0,05	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PAU	0,06	0,70	0,12	0,12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PKN	0,12	0,44	0,44	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
NPN	0,41	0,33	0,22	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00
MSZ	0,77	0,00	0,00	0,23	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
MRG	0,44	0,28	0,06	0,11	0,00	0,06	0,05	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
SRO	0,12	0,47	0,00	0,00	0,00	0,06	0,00	0,18	0,00	0,12	0,00	0,05
KWD	0,57	0,14	0,00	0,00	0,00	0,22	0,00	0,00	0,00	0,07	0,00	0,00
LDZ	0,71	0,14	0,00	0,05	0,00	0,00	0,05	0,00	0,05	0,00	0,00	0,00
GWL	0,05	0,30	0,11	0,03	0,00	0,00	0,19	0,00	0,32	0,00	0,00	0,00
KPN	0,06	0,10	0,03	0,08	0,01	0,00	0,72	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
RDZ	0,17	0,30	0,00	0,13	0,00	0,00	0,40	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PPN	0,18	0,33	0,47	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.

Tabela 8. Frekwencja 10 haplotypów mtDNA-cr o długości 351 pz w 5 populacjach łośi pozyskanych podczas okresu polowań w latach 1987 – 1994.

Haplotyp Pop	H1	H2	H3	H4	H11	H12	H13	H17	H18	H20
BIE _M	0,69	0,25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,06	0,00	0,00
PKN _M	0,53	0,29	0,06	0,00	0,06	0,00	0,00	0,00	0,06	0,00
MAZ _M	0,29	0,54	0,11	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,03
NNU _M	0,45	0,25	0,12	0,00	0,06	0,00	0,06	0,06	0,00	0,00
BPD _M	0,13	0,33	0,27	0,20	0,00	0,07	0,00	0,00	0,00	0,00
RAZEM	0,40	0,37	0,11	0,04	0,02	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01

BIE_M – dolina Biebrzy, PKN_M – Puszcza Knyszyńska, MAZ_M – Mazury, NNU_M – dolina Narwi/Nurca, BPD_M – Nadleśnictwo Biała Podlaska.

Tabela 9. Frekwencja 4 haplotypów *DBY14* o długości 154 pz w 16 populacjach łośi.

Haplotyp Pop	N	H1- <i>DBY14</i>	H2- <i>DBY14</i>	H3- <i>DBY14</i>	H4- <i>DBY14</i>
BIE	37	0,95	0,05	0,00	0,00
BIE _M	14	0,93	0,07	0,00	0,00
PAU	11	1,00	0,00	0,00	0,00
PKN	11	0,91	0,00	0,09	0,00
PKN _M	15	1,00	0,00	0,00	0,00
NPN	8	1,00	0,00	0,00	0,00
MAZ	27	1,00	0,00	0,00	0,00
MAZ _M	27	1,00	0,00	0,00	0,00
KPN	28	0,88	0,04	0,04	0,04
PPN	15	1,00	0,00	0,00	0,00
LIT	8	1,00	0,00	0,00	0,00
BPN	4	1,00	0,00	0,00	0,00
NOT	10	1,00	0,00	0,00	0,00
KON	2	1,00	0,00	0,00	0,00
NNU _M	14	0,93	0,07	0,00	0,00
INNE	5	1,00	0,00	0,00	0,00

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.

BIE_M – dolina Biebrzy (1987 – 1994), PKN_M – Puszcza Knyszyńska (1987 – 1994), MAZ_M – Mazury (1987 – 1994), NNU_M – dolina Narwi/Nurca (1987 – 1994).

N – liczba zanalizowanych samców w poszczególnych populacjach.

Tabela 10. Frekwencja 9 alleli genu *MHC II DRB* o długości 226 pz w 8 populacjach i w całej próbie badanych łosi.

Allel Pop	<i>DRB1*1</i>	<i>DRB1*2</i>	<i>DRB1*3</i>	<i>DRB1*4</i>	<i>DRB1*5</i>	<i>DRB1*8</i>	<i>DRB1*9</i>	<i>DRB1*11</i>	<i>DRB1*12</i>
BIE	0,32	0,04	0,15	0,01	0,02	0,13	0,32	0,01	0,00
PAU	0,30	0,17	0,17	0,00	0,00	0,06	0,30	0,00	0,00
PKN	0,35	0,07	0,21	0,00	0,13	0,00	0,24	0,00	0,00
MRG	0,14	0,07	0,50	0,00	0,00	0,07	0,22	0,00	0,00
SRO	0,18	0,03	0,40	0,00	0,08	0,05	0,26	0,00	0,00
KPN	0,39	0,06	0,28	0,00	0,07	0,04	0,16	0,00	0,00
PPN	0,41	0,07	0,30	0,00	0,02	0,06	0,14	0,00	0,00
LIT	0,38	0,09	0,19	0,00	0,09	0,06	0,16	0,00	0,03
RAZEM	0,334	0,070	0,240	0,002	0,040	0,080	0,230	0,002	0,002

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.

Tabela 11. Podstawowe statystyki opisujące zmienność mtDNA-cr o długości 607 pz w 14 analizowanych populacjach łośi oraz w próbie z Polski.

Pop	N	Nh	$h \pm SE$	$\pi \pm SE$ (%)	S	$N_{MR} \pm SE$	D	D^*	F_S
BIE	155	4	$0,330 \pm 0,044$	$0,654 \pm 0,364$	16	$3,968 \pm 1,996$	1,042	1,615*	11,363
gBIE	23	3	$0,632 \pm 0,064$	$1,099 \pm 0,600$	15	$6,672 \pm 3,267$	2,290*	1,526**	10,563
śBIE	33	4	$0,403 \pm 0,093$	$0,788 \pm 0,439$	16	$4,784 \pm 2,398$	0,712	0,412	7,317
dBIE	103	4	$0,130 \pm 0,044$	$0,258 \pm 0,172$	16	$1,566 \pm 0,942$	-1,367	0,054	3,190
PAU	34	4	$0,485 \pm 0,095$	$0,587 \pm 0,340$	16	$3,565 \pm 1,857$	-0,295	1,573**	5,439
PKN	18	3	$0,628 \pm 0,062$	$0,792 \pm 0,454$	14	$4,810 \pm 2,464$	0,684	1,497**	7,044
NPN	27	4	$0,698 \pm 0,042$	$1,136 \pm 0,614$	16	$6,894 \pm 3,347$	2,294*	0,834	9,273
MSZ	13	2	$0,385 \pm 0,132$	$0,697 \pm 0,416$	11	$4,231 \pm 2,244$	0,782	1,447*	7,801
MRG	18	6	$0,745 \pm 0,079$	$1,221 \pm 0,670$	20	$7,412 \pm 3,635$	1,071	0,295	4,023
SRO	17	6	$0,757 \pm 0,091$	$1,412 \pm 0,769$	22	$8,574 \pm 4,169$	1,266	1,355*	4,442
KWD	14	4	$0,648 \pm 0,116$	$0,836 \pm 0,485$	19	$5,077 \pm 2,621$	-0,626	0,345	4,289
LDZ	21	5	$0,486 \pm 0,124$	$0,800 \pm 0,454$	19	$4,857 \pm 2,467$	-0,300	-0,129	4,011
GWL	37	6	$0,776 \pm 0,035$	$1,296 \pm 0,685$	20	$7,865 \pm 3,743$	2,151*	0,982	8,363
KPN	67	6	$0,473 \pm 0,071$	$0,689 \pm 0,384$	21	$4,182 \pm 2,104$	-0,151	0,958	5,580
RDZ	30	4	$0,729 \pm 0,043$	$1,146 \pm 0,616$	18	$6,954 \pm 3,363$	1,827	1,599**	9,954
PPN	49	4	$0,652 \pm 0,036$	$0,883 \pm 0,481$	15	$5,359 \pm 2,629$	1,825	1,113	10,016
LIT	15	4	$0,714 \pm 0,081$	$0,791 \pm 0,459$	16	$4,800 \pm 2,483$	-0,099	-0,786	4,303
POLSKA	588	12	$0,758 \pm 0,010$	$1,202 \pm 0,623$	27	$7,298 \pm 3,422$	2,229*	0,939	14,093

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1. N – wielkość populacji. Nh – liczba haplotypów. h – różnorodność haplotypowa. SE – wartość odchylenia standardowego. π – różnorodność nukleotydów na miejsce nukleotydowe. S – liczba miejsc polimorficznych. N_{MR} – średnia liczba różnic nukleotydowych między parami porównywanych sekwencji. D – statystyka D (Tajima 1989). D^* – statystyka D^* (Fu i Li 1993). F_S – statystyka F_S (Fu 1997).

Wartości nieistotne statystycznie w przypadku $P > 0,05$. * < 0,05; ** < 0,02; *** < 0,001.

Tabela 12. Podstawowe statystyki opisujące zmienność mtDNA-cr o długości 351 pz w 5 populacjach łośi pozyskanych podczas okresu polowań w latach 1987 – 1994 oraz w próbie z Polski z tego okresu.

Pop	N	Nh	$h \pm S.E.$	$\pi \pm S.E. (\%)$	S	$N_{MR} \pm S.E.$
BIE _M	16	3	$0,492 \pm 0,117$	$1,403 \pm 0,808$	16	$4,925 \pm 2,531$
PKN _M	17	5	$0,662 \pm 0,094$	$1,563 \pm 0,885$	15	$5,485 \pm 2,776$
MAZ _M	28	5	$0,640 \pm 0,071$	$1,454 \pm 0,809$	14	$5,103 \pm 2,551$
NNU _M	16	6	$0,767 \pm 0,084$	$1,759 \pm 0,989$	19	$6,175 \pm 3,098$
BPD _M	15	5	$0,809 \pm 0,059$	$1,438 \pm 0,829$	15	$5,048 \pm 2,596$
POLSKA	92	10	$0,702 \pm 0,030$	$1,632 \pm 0,873$	22	$5,729 \pm 2,769$

BIE_M – dolina Biebrzy, PKN_M – Puszcza Knyszyńska, MAZ_M – Mazury, NNU_M – dolina Narwi/Nurca, BPD_M – Nadleśnictwo Biała Podlaska.

N – wielkość populacji. *Nh* – liczba haplotypów. *h* – różnorodność haplotypowa. *SE* – wartość odchylenia standardowego. π – różnorodność nukleotydów na miejsce nukleotydowe. *S* – liczba miejsc polimorficznych. *N_{MR}* – średnia liczba różnic nukleotydowych między parami porównywanych sekwencji.

Tabela 13. Podstawowe statystyki opisujące zmienność *MHC II DRB* o długości 226 pz w 8 populacjach oraz w całej próbie.

Pop	N	Nh	$h \pm S.E.$	$\pi \pm S.E. (\%)$	S	$N_{MR} \pm S.E.$
BIE	68	8	$0,759 \pm 0,018$	$1,616 \pm 0,912$	8	$3,653 \pm 1,861$
PAU	20	5	$0,787 \pm 0,026$	$1,637 \pm 0,939$	8	$3,700 \pm 1,910$
PKN	15	5	$0,775 \pm 0,041$	$1,574 \pm 0,916$	7	$3,556 \pm 1,859$
MRG	7	5	$0,725 \pm 0,104$	$1,391 \pm 0,860$	8	$3,143 \pm 1,732$
SRO	19	6	$0,751 \pm 0,041$	$1,416 \pm 0,831$	8	$3,200 \pm 1,691$
KPN	35	6	$0,745 \pm 0,030$	$1,475 \pm 0,850$	8	$3,334 \pm 1,732$
PPN	32	6	$0,728 \pm 0,033$	$1,426 \pm 0,827$	8	$3,224 \pm 1,686$
LIT	16	7	$0,802 \pm 0,047$	$1,599 \pm 0,926$	8	$3,613 \pm 1,881$
RAZEM	212	9	$0,768 \pm 0,009$	$1,549 \pm 0,875$	8	$3,501 \pm 1,788$

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.

N – wielkość populacji. Nh – liczba haplotypów. h – różnorodność haplotypowa. SE – wartość odchylenia standardowego. π – różnorodność nukleotydów na miejsce nukleotydowe. S – liczba miejsc polimorficznych. N_{MR} – średnia liczba różnic nukleotydowych między parami porównywanych sekwencji.

Tabela 14. Wartości zróżnicowania genetycznego: Φ_{ST} (poniżej przekątnej) i F_{ST} (powyżej przekątnej) dla mtDNA-cr o długości 607 pz między 14 populacjami łośia (13 populacji z Polski, 1 populacja z Litwy).

Pop	BIE	PAU	PKN	NPN	MSZ	MRG	SRO	KWD	LDZ	GWL	KPN	RDZ	PPN	LIT
BIE	-	0,55	0,51	0,23	<i>0,04</i>	0,16	0,45	0,10	<i>0,00</i>	0,47	0,59	0,43	0,43	0,50
PAU	0,61	-	0,12	0,18	0,52	0,20	0,07	0,36	0,43	0,18	0,48	0,21	0,19	<i>0,03</i>
PKN	0,52	0,09	-	<i>0,06</i>	0,44	0,14	0,11	0,27	0,35	0,13	0,43	0,20	<i>0,00</i>	<i>0,04</i>
NPN	0,22	0,25	0,09	-	0,19	<i>0,00</i>	0,08	<i>0,06</i>	0,10	0,14	0,40	0,14	0,05	0,09
MSZ	<i>0,00</i>	0,62	0,48	0,17	-	<i>0,10</i>	0,36	<i>0,08</i>	<i>0,01</i>	0,35	0,52	0,31	0,36	0,37
MRG	0,14	0,33	0,18	<i>0,00</i>	<i>0,08</i>	-	<i>0,08</i>	<i>0,00</i>	<i>0,03</i>	0,13	0,36	0,09	0,13	0,09
SRO	0,39	0,18	0,12	<i>0,05</i>	0,28	<i>0,05</i>	-	0,17	0,27	0,10	0,39	0,12	0,15	<i>0,05</i>
KWD	<i>0,00</i>	0,61	0,48	0,16	<i>0,00</i>	<i>0,08</i>	0,25	-	<i>0,01</i>	0,22	0,44	0,20	0,23	0,24
LDZ	<i>0,00</i>	0,58	0,45	0,14	<i>0,00</i>	<i>0,06</i>	0,26	<i>0,00</i>	-	0,28	0,47	0,24	0,29	0,32
GWL	0,23	0,27	0,14	<i>0,01</i>	0,15	<i>0,00</i>	<i>0,04</i>	0,15	0,13	-	0,26	0,08	0,15	0,10
KPN	0,55	0,53	0,46	0,38	0,52	0,35	0,29	0,51	0,49	0,25	-	0,10	0,41	0,34
RDZ	0,42	0,26	0,18	0,12	0,31	0,10	<i>0,04</i>	0,31	0,29	<i>0,05</i>	0,10	-	0,21	0,11
PPN	0,44	0,18	<i>0,00</i>	<i>0,05</i>	0,38	0,13	0,13	0,39	0,36	0,11	0,42	0,17	-	0,08
LIT	0,56	<i>0,02</i>	<i>0,00</i>	0,15	0,51	0,20	0,10	0,51	0,49	0,17	0,46	0,16	<i>0,06</i>	-

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1. Kursywą zaznaczyłam wartości nieistotne statystycznie, $P > 0,05$. Dla pozostałych wartości Φ_{ST} i F_{ST} $P < 0,05$ (po uwzględnieniu poprawki Bonferroniego dla testów wielokrotnych).

Tabela 15. Wartości zróżnicowania genetycznego: Φ_{ST} (poniżej przekątnej) i F_{ST} (powyżej przekątnej) dla mtDNA-cr o długości 351 pz między 5 populacjami łośi pozyskanych podczas okresu polowań w latach 1987 – 1994.

Pop	BIE _Z	PKN _Z	MAZ _Z	NNU _Z	BPD _Z
BIE _Z	-	<i>0,00</i>	0,15	<i>0,01</i>	0,21
PKN _Z	<i>0,00</i>	-	<i>0,05</i>	<i>0,00</i>	0,10
MAZ _Z	0,19	<i>0,10</i>	-	<i>0,04</i>	<i>0,04</i>
NNU _Z	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>	<i>0,08</i>	-	<i>0,04</i>
BPD _Z	0,25	0,16	<i>0,02</i>	0,11	-

BIE_Z – dolina Biebrzy, PKN_Z – Puszcza Knyszyńska, MAZ_Z – Mazury, NNU_Z – dolina Narwi/Nurca, BPD_Z – Nadleśnictwo Biała Podlaska. Kursywą zaznaczyłam wartości nieistotne statystycznie, $P > 0,05$. Dla pozostałych wartości Φ_{ST} i F_{ST} $P < 0,05$ (po uwzględnieniu poprawki Bonferroniego dla testów wielokrotnych).

Tabela 16. Wartości zróżnicowania genetycznego: Φ_{ST} (poniżej przekątnej) i F_{ST} (powyżej przekątnej) dla *DBY14* o długości 154 pz między 15 populacjami łośi.

Pop	BIE	BIE _M	PAU	PKN	PKN _M	NPN	MAZ	MAZ _M	KPN	PPN	LIT	BPN	NOT	KON	NNU _M
BIE	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
BIE _M	0,00	-	0,00	0,00	0,01	0,00	0,05	0,05	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01
PAU	0,00	0,00	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PKN	0,06	0,01	0,00	-	0,03	0,00	0,09	0,09	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PKN _M	0,00	0,01	0,00	0,03	-	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01
NPN	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
MAZ	0,02	0,05	0,00	0,09	0,00	0,00	-	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,05
MAZ _M	0,02	0,05	0,00	0,09	0,00	0,00	0,00	-	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,05
KPN	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01	-	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
PPN	0,00	0,01	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
LIT	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-	0,00	0,00	0,00	0,00
BPN	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-	0,00	0,00	0,00
NOT	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-	0,00	0,00
KON	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-	0,00
NNU _M	0,00	0,00	0,00	0,01	0,01	0,00	0,05	0,05	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	-

Kursywą zaznaczyłam wartości Φ_{ST} i F_{ST} nieistotne statystycznie, $P > 0,05$ (po uwzględnieniu poprawki Bonferroniego dla testów wielokrotnych).

Tabela 17. Wartości zróżnicowania genetycznego: F_{ST} (poniżej przekątnej) i R_{ST} (powyżej przekątnej) dla mikrosatelitarnego DNA (11 loci) między 14 populacjami łosi (13 populacji z Polski, 1 populacja z Litwy).

Pop	BIE	PAU	PKN	NPN	MSZ	MRG	SRO	KWD	LDZ	GWL	KPN	RDZ	PPN	LIT
BIE	-	<i>0,00</i>	<i>0,01</i>	0,03	<i>0,04</i>	<i>0,01</i>	<i>0,01</i>	0,07	0,04	0,04	0,02	<i>0,00</i>	0,02	0,05
PAU	0,01	-	<i>0,02</i>	<i>0,02</i>	0,03	<i>0,02</i>	<i>0,02</i>	0,08	0,05	0,05	0,02	<i>0,00</i>	0,02	0,05
PKN	<i>0,00</i>	<i>0,01</i>	-	<i>0,00</i>	<i>0,03</i>	<i>0,00</i>	<i>0,03</i>	<i>0,03</i>	<i>0,00</i>	<i>0,01</i>	0,03	<i>0,01</i>	<i>0,01</i>	<i>0,01</i>
NPN	0,02	0,02	<i>0,01</i>	-	<i>0,02</i>	<i>0,02</i>	0,06	0,05	0,04	0,04	0,07	<i>0,01</i>	<i>0,02</i>	<i>0,02</i>
MSZ	0,03	0,04	<i>0,02</i>	<i>0,02</i>	-	<i>0,00</i>	0,06	<i>0,01</i>	<i>0,01</i>	<i>0,02</i>	0,08	<i>0,03</i>	<i>0,02</i>	<i>0,02</i>
MRG	<i>0,01</i>	0,02	<i>0,01</i>	0,03	<i>0,00</i>	-	<i>0,04</i>	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>	<i>0,01</i>	0,04	<i>0,02</i>	<i>0,01</i>	<i>0,01</i>
SRO	0,04	0,05	0,05	0,07	0,06	0,02	-	0,08	0,03	0,04	<i>0,01</i>	<i>0,00</i>	<i>0,01</i>	0,05
KWD	0,01	<i>0,01</i>	<i>0,02</i>	0,04	<i>0,02</i>	<i>0,01</i>	0,04	-	0,03	0,06	0,08	0,06	0,06	<i>0,03</i>
LDZ	0,04	0,05	0,04	0,06	0,04	0,04	0,06	0,03	-	<i>0,00</i>	0,06	<i>0,02</i>	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>
GWL	0,02	0,02	<i>0,01</i>	0,04	0,02	0,02	0,05	0,02	0,03	-	0,07	<i>0,02</i>	<i>0,01</i>	<i>0,00</i>
KPN	0,03	0,03	0,03	0,05	0,03	0,02	0,04	0,02	0,04	0,03	-	<i>0,00</i>	0,04	0,07
RDZ	0,01	0,02	<i>0,02</i>	0,04	0,03	<i>0,02</i>	0,03	0,02	0,06	0,02	0,02	-	<i>0,00</i>	<i>0,02</i>
PPN	0,03	0,03	0,03	0,04	0,02	<i>0,01</i>	0,04	0,02	0,04	0,02	0,03	0,02	-	<i>0,00</i>
LIT	0,04	0,04	<i>0,02</i>	0,04	<i>0,02</i>	0,04	0,05	0,04	0,07	0,04	0,05	0,03	0,25	-

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1. Kursywą zaznaczyłam wartości nieistotne statystycznie, $P > 0,05$. Dla pozostałych wartości F_{ST} i R_{ST} $P < 0,05$ (po uwzględnieniu poprawki Bonferroniego dla testów wielokrotnych).

Tabela 18. Wartości zróżnicowania genetycznego: Φ_{ST} (poniżej przekątnej) i F_{ST} (powyżej przekątnej) dla *MHC II DRB* o długości 226 pz między 8 populacjami łośia (7 populacji z Polski, 1 populacja z Litwy).

Pop	BIE	PAU	PKN	MRG	SRO	KPN	PPN	LIT
BIE	-	<i>0,00</i>	<i>0,01</i>	0,07	0,04	0,03	0,03	<i>0,01</i>
PAU	<i>0,00</i>	-	<i>0,00</i>	<i>0,04</i>	<i>0,03</i>	<i>0,02</i>	<i>0,02</i>	<i>0,00</i>
PKN	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>	-	<i>0,05</i>	<i>0,02</i>	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>
MRG	<i>0,02</i>	<i>0,05</i>	<i>0,03</i>	-	<i>0,00</i>	<i>0,03</i>	<i>0,04</i>	<i>0,05</i>
SRO	<i>0,03</i>	<i>0,05</i>	<i>0,03</i>	<i>0,00</i>	-	<i>0,02</i>	<i>0,03</i>	<i>0,03</i>
KPN	<i>0,00</i>	<i>0,01</i>	<i>0,00</i>	<i>0,03</i>	0,04	-	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>
PPN	<i>0,01</i>	<i>0,02</i>	<i>0,02</i>	<i>0,05</i>	0,07	<i>0,00</i>	-	<i>0,00</i>
LIT	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>	<i>0,05</i>	0,06	<i>0,00</i>	<i>0,00</i>	-

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1. Kursywą zaznaczyłam wartości nieistotne statystycznie, $P > 0,05$. Dla pozostałych wartości F_{ST} i R_{ST} $P < 0,05$ (po uwzględnieniu poprawki Bonferroniego dla testów wielokrotnych).

Tabela 19. Podstawowe statystyki opisujące zmienność 11 loci mikrosatelitarnego DNA w próbie 14 populacji potraktowanych jako całość (386 łosi).

Parametr \ Locus	BM1258	OarFCB 193	RT5	NVHRT 21	RT30	BM1225	MAF46	BM4513	MAF70	McM58	Cer14
% brakujących genotypów	0,3%	0,0%	7,3%	3,2%	4,9%	16,8%	0,8%	4,1%	1,3%	4,1%	3,6%
Zakresy wielkości	88 – 112 (7)	103 – 122 (12)	140 – 172 (12)	156 – 176 (8)	191 – 207 (9)	229 – 255 (11)	91 – 113 (9)	123 – 139 (15)	128 – 162 (13)	176 – 216 (14)	218 – 231 (9)

% brakujących genotypów – % brakujących genotypów osobników w poszczególnych loci.

Zakresy wielkości – zakresy dla poszczególnych loci mikrosatelitarnego DNA, wraz z podaną w nawiasie liczbą alleli.

Tabela 20. Frekwencja alleli zerowych (*null alleles*) dla 11 loci mikrosatelitarnego DNA w 14 populacjach i dla wszystkich osobników potraktowanych jako jedna grupa.

Pop \ Locus	BM1258	OarFCB 193	RT5	NVHRT 21	RT30	BM1225	MAF46	BM4513	MAF70	McM58	Cer14
BIE	-0,011	+0,022	+0,080	+0,073	+0,010	+0,025	-0,019	+0,131	+0,084	+0,077	+0,044
gBIE	-0,114	+0,081	+0,210	+0,08	<i>nd</i>	+0,134	+0,102	+0,213	+0,263	+0,184	+0,027
śBIE	+0,036	+0,021	+0,165	-0,009	-0,044	-0,021	-0,063	+0,030	+0,098	+0,040	-0,039
dBIE	-0,024	-0,014	-0,018	+0,131	-0,018	-0,003	-0,042	+0,159	+0,004	+0,049	+0,089
PAU	-0,028	-0,082	-0,061	-0,094	+0,050	+0,031	-0,043	+0,026	-0,032	+0,161	+0,034
PKN	+0,307	+0,225	+0,060	+0,050	-0,078	+0,054	+0,126	+0,191	-0,164	+0,301	+0,059
NPN	+0,074	-0,022	-0,004	+0,005	-0,034	+0,072	+0,027	+0,022	-0,122	+0,128	+0,202
MSZ	-0,046	+0,009	+0,172	+0,025	+0,042	+0,102	+0,147	+0,022	+0,001	+0,281	+0,057
MRG	-0,084	-0,073	-0,096	+0,059	+0,084	<i>nd</i>	-0,052	+0,110	-0,017	-0,080	-0,055
SRO	-0,038	-0,014	+0,007	+0,001	+0,098	-0,017	-0,101	+0,018	+0,027	-0,032	-0,041
KWD	-0,044	+0,019	+0,100	-0,011	-0,014	-0,051	+0,132	-0,049	-0,019	+0,121	-0,010
LDZ	-0,063	+0,029	+0,073	-0,086	+0,069	-0,005	-0,005	-0,012	-0,009	+0,019	+0,005
GWL	-0,004	+0,101	+0,005	+0,137	+0,121	+0,090	+0,085	-0,029	+0,008	-0,064	+0,007
KPN	+0,002	+0,045	+0,032	+0,073	+0,076	+0,031	+0,080	+0,113	-0,010	+0,020	-0,021
RDZ	+0,099	-0,029	+0,035	+0,079	+0,029	+0,023	-0,027	+0,028	+0,164	-0,046	+0,035
PPN	-0,012	+0,131	+0,097	+0,080	+0,182	+0,160	-0,028	+0,100	+0,122	+0,135	+0,050
LIT	-0,110	+0,039	-0,091	+0,096	-0,168	-0,045	-0,119	+0,119	+0,261	-0,024	+0,178
RAZEM	+0,013	+0,052	+0,056	+0,069	+0,081	+0,062	+0,033	+0,081	+0,044	+0,082	+0,046

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1. *nd* – analiza nie została wykonana, ze względu na zbyt małą (≤ 9) liczbę zgenotypowanych osobników.

Tabela 21. Frekwencja poszczególnych alleli w 11 loci mikrosatelitarnego DNA oszacowana dla połączonej próby 386 osobników pochodzących z 14 populacji.

Locus	N^*	Allel	$N_{heterozygot}$	$N_{homozygot}$	Frekwencja alleli
BM1258	385	88	71	2	0,097
		100	133	28	0,246
		102	4	0	0,005
		106	173	52	0,360
		108	111	14	0,180
		110	75	4	0,108
		112	1	1	0,004
		OarFCB193	386	103	10
105	2			1	0,005
108	1			0	0,001
110	1			0	0,001
112	116			25	0,215
114	48			4	0,072
116	162			68	0,387
118	142			33	0,269
119	3			0	0,004
120	7			0	0,009
121	6			0	0,008
122	8			1	0,013
RT5	358	140	123	40	0,284
		142	12	0	0,017
		150	30	2	0,047
		156	6	0	0,008
		158	1	1	0,004
		160	0	1	0,003
		162	51	3	0,080
		164	13	2	0,023
		166	48	7	0,087
		168	124	20	0,229
		170	86	18	0,170
		172	30	2	0,048
NVHRT21	374	156	137	25	0,250
		158	6	2	0,013
		160	97	30	0,210
		162	30	1	0,043
		164	130	46	0,297
		170	58	6	0,094
		172	43	5	0,070
		176	13	2	0,023

Tabela 21 (cd). Frekwencja poszczególnych alleli w 11 loci mikrosatelitarnego DNA oszacowana dla połączonej próby 386 osobników pochodzących z 14 populacji.

Locus	N^*	Allel	$N_{heterozygot}$	$N_{homozygot}$	Frekwencja alleli
RT30	367	191	144	56	0,349
		193	77	19	0,157
		195	72	13	0,133
		197	15	1	0,023
		199	4	0	0,005
		201	10	0	0,014
		203	64	17	0,134
		205	73	11	0,129
		207	39	1	0,0560
BM1225	321	229	34	6	0,072
		235	13	0	0,020
		239	39	6	0,079
		241	63	10	0,129
		243	3	0	0,005
		245	53	12	0,120
		247	81	8	0,151
		249	89	18	0,195
		251	69	11	0,142
MAF46	383	253	16	1	0,028
		255	34	2	0,059
		91	52	3	0,076
		95	3	0	0,004
		97	14	0	0,018
		103	224	39	0,292
		105	55	4	0,072
		107	196	32	0,256
		109	205	30	0,268
BM4513	370	111	5	0	0,006
		113	6	0	0,008
		123	19	1	0,028
		124	5	0	0,007
		125	47	4	0,074
		126	5	0	0,007
		127	135	55	0,331
		128	5	3	0,015
		129	59	13	0,114
		130	3	4	0,016
		131	117	23	0,213
132	6	3	0,016		
133	90	11	0,151		
134	0	5	0,014		
135	4	0	0,005		
137	1	0	0,001		
139	6	0	0,008		

Tabela 21 (cd). Frekwencja poszczególnych alleli w 11 loci mikrosatelitarnego DNA oszacowana dla połączonej próby 386 osobników pochodzących z 14 populacji.

Locus	N^*	Allel	$N_{heterozygot}$	$N_{homozygot}$	Frekwencja alleli
MAF70	381	128	2	0	0,003
		130	168	121	0,539
		132	116	240	0,216
		136	4	0	0,005
		138	16	0	0,022
		140	13	0	0,017
		142	25	0	0,033
		148	8	0	0,010
		150	4	0	0,002
		154	35	0	0,047
		156	1	0	0,001
		158	41	5	0,067
		162	29	0	0,038
		McM58	370	176	5
189	47			6	0,080
194	6			0	0,008
197	2			0	0,003
200	9			0	0,012
204	13			1	0,020
205	2			5	0,016
206	115			29	0,234
207	3			4	0,015
208	154			70	0,397
209	5			2	0,012
210	60			16	0,124
212	51			0	0,069
216	2			0	0,003
Cer14	372	218	97	17	0,176
		220	80	20	0,161
		221	58	6	0,094
		222	12	1	0,019
		225	102	13	0,172
		226	17	1	0,026
		227	103	17	0,184
		229	90	9	0,145
		231	17	0	0,023

N^* – maksymalna liczba osobników zgenotypowanych w danym locus mikrosatelitarnego DNA.

Tabela 22. Podstawowe statystyki opisujące zmienność 11 loci mikrosatelitarnego DNA w 14 analizowanych populacjach łosia.

Parametr Pop	N_{min}	N_{max}	$Nalleli_{min}$	$Nalleli_{max}$	N_A	H_O	H_E	HWE	F_{IS}
BIE	61	77	6	12	8,73	0,708	0,778	0,000***	0,090***
gBIE	9	12	4	7	4,91	0,558	0,735	0,000***	0,250***
śBIE	23	30	4	10	7,09	0,737	0,768	0,017*	0,041
dBIE	28	35	6	10	7,91	0,734	0,785	0,000***	0,066
PAU	26	32	5	9	7,36	0,779	0,786	0,027*	0,009
PKN	14	15	6	8	6,91	0,613	0,768	0,000***	0,207***
NPN	21	23	5	9	6,91	0,671	0,742	0,001***	0,098
MSZ	13	13	4	7	5,55	0,594	0,710	0,079	0,168
MRG	9	12	4	8	5,64	0,727	0,730	0,762	0,004
SRO	15	17	4	8	5,73	0,718	0,720	0,833	0,003
KWD	14	15	4	9	5,73	0,721	0,762	0,006**	0,055
LDZ	20	21	5	8	6,00	0,725	0,744	0,310	0,026
GWL	26	37	5	9	7,73	0,690	0,759	0,001***	0,093
KPN	38	55	6	13	8,45	0,713	0,780	0,000***	0,086***
RDZ	17	20	6	9	6,82	0,696	0,761	0,022*	0,087
PPN	35	38	5	10	7,55	0,633	0,764	0,000***	0,173***
LIT	11	11	4	7	5,91	0,727	0,747	0,000***	0,027

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.

N_{min} – minimalna liczba osobników zgenotypowanych we wszystkich loci w populacji.

N_{max} – maksymalna liczba osobników zgenotypowanych we wszystkich loci w populacji.

$Nalleli_{min}$ – minimalna liczba alleli w populacji. $Nalleli_{max}$ – maksymalna liczba alleli w populacji.

N_A – średnia liczba alleli występujących w poszczególnych loci.

H_O – heterozygotyczność obserwowana. H_E – heterozygotyczność oczekiwana.

HWE – odchylenia od równowagi Hardy'ego-Weinberga (wartości P); * < 0,05; ** < 0,02; *** < 0,001.

F_{IS} – współczynnik wsobności; *** < 0,00032.

Tabela 23. Średni współczynnik pokrewieństwa (r) wyliczony w programie Kingroup v.2 i Kinship dla 14 populacji oraz dla 386 osobników potraktowanych jako jedna populacja oraz poszczególne kategorie pokrewieństwa dla par wszystkich osobników w populacjach i w całej próbie.

Pop	r	95% CI	Kategorie pokrewieństwa (%)				
			<i>po</i>	<i>fs</i>	<i>hs</i>	<i>co</i>	<i>un</i>
BIE	-0,014	(-0,034 – 0,008)	0,44	0,35	0,73	3,55	94,93
gBIE	-0,097	(-0,143 – -0,042)	0	7,69	9,23	10,77	72,31
śBIE	-0,036	(-0,071 – -0,002)	1,16	0,46	1,16	2,78	94,44
dBIE	-0,028	(-0,055 – -0,003)	0,34	0,16	0,16	1,86	97,48
PAU	-0,032	(-0,060 – -0,003)	0,21	2,62	3,02	6,25	87,90
PKN	-0,078	(-0,101 – -0,050)	0,95	1,90	2,86	3,81	90,48
NPN	-0,048	(-0,071 – -0,022)	0,79	0,39	1,98	5,14	91,70
MSZ	-0,083	(-0,110 – -0,053)	3,85	1,28	2,56	3,85	88,46
MRG	-0,094	(-0,119 – -0,064)	0	1,52	1,52	4,54	92,42
SRO	-0,065	(-0,091 – -0,038)	4,41	0	1,47	3,68	90,44
KWD	-0,071	(-0,108 – -0,030)	2,86	4,76	6,66	7,62	78,10
LDZ	-0,050	(-0,077 – -0,022)	1,90	0,95	3,33	6,19	87,63
GWL	-0,032	(-0,056 – -0,006)	0,60	1,50	1,66	4,20	92,04
KPN	-0,020	(-0,041 – 0,005)	0,61	0,81	0,73	4,38	93,47
RDZ	-0,056	(-0,082 – -0,029)	0,53	2,11	2,62	4,21	90,53
PPN	-0,028	(-0,051 – -0,004)	0,28	1,42	1,42	4,56	92,32
LIT	-0,100	(-0,121 – -0,077)	1,82	0	0	3,64	94,54
RAZEM	-0,003	(-0,021 – 0,018)	0,23	0,31	0,50	4,95	94,01

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.

r – średni współczynnik pokrewieństwa wyliczony w programie Kingroup v.2 i Kinship.

CI – przedział ufności średniej wyznaczony metodą bootstrapu w programie Rndom Pro v.3.14.

po – rodzic-potomek; *fs* – pełne rodzeństwo; *hs* – pół-rodzeństwo; *co* – kuzyni; *un* – osobniki niespokrewnione par wszystkich osobników.

Tabela 24. Analiza wariancji molekularnej (AMOVA) dla mtDNA-cr o długości 607 pz i 11 loci mikrosatelitarnego DNA dla 13 populacji łośi z Polski (A) oraz dla 14 populacji łośi (B) (13 populacji z Polski, 1 populacja z Litwy) przy założeniu występowania jednej grupy.

Marker genetyczny	Źródło zmienności (%)		Statystyka Φ	Statystyka F
	Między populacjami	Wewnątrz populacji	Φ_{ST}	F_{ST}
(A) mtDNA-cr	32,67	67,33	0,33***	0,33***
mikrosatelitarny DNA	2,36	97,64	0,02***	0,02***
(B) mtDNA-cr	32,95	67,05	0,33***	0,32***
mikrosatelitarny DNA	2,84	97,16	0,03***	0,03***

Φ_{ST} – dla mtDNA-cr. F_{ST} – dla 11 loci mikrosatelitarnego DNA. *** < 0,001.

Tabela 25. Analiza wariancji molekularnej (AMOVA) dla mtDNA-cr o długości 607 pz i 11 loci mikrosatelitarnego DNA dla 14 populacji łośi (13 populacji z Polski, 1 populacja z Litwy) przy założeniu występowania 7 grup.

Marker genetyczny	Źródło zmienności (%)			Statystyka Φ (F)		
	Między grupami	Między populacjami wewnątrz grup	Wewnątrz populacji	Φ_{CT}	Φ_{SC}	Φ_{ST}
mtDNA-cr	32,92	2,61	64,47	0,33***	0,04***	0,36***
mikrosatelitarny DNA	3,75	-0,38	96,63	0,04***	-0,004	0,034***

Φ – statystyka dla mtDNA-cr. F – statystyka dla mikrosatelitarnego DNA. *** < 0,001.

Tabela 26. Podstawowe parametry wyliczone w programie Structure v.2.3.3 podczas identyfikacji grup genetycznych (K) dla 14 populacji łośia (13 populacji z Polski, 1 populacja z Litwy).

Parametr \ K	$K = 1$	$K = 2$	$K = 3$	$K = 4$
LnP(K)	-13763,4	-13637,4	-13559,9	-13980,6
Var[LnP(K)]	54,2	375,7	630,9	1758,0

$LnP(K)$ – logarytm prawdopodobieństwa uzyskania określonej liczby grup genetycznie zróżnicowanych populacji (K).

$Var[LnP(K)]$ – wariancja logarytmu prawdopodobieństwa uzyskania określonej liczby grup genetycznie zróżnicowanych populacji (K).

Tabela 27. Udział osobników łośi pochodzących z 13 populacji z Polski i jednej z Litwy w dwóch grupach genetycznie zróżnicowanych populacji ($K = 2$) wyznaczonych w programie Structure v.2.3.3.

Pop Grupa	BIE	PAU	PKN	NPN	MSZ	MRG	SRO	KWD	LDZ	GWL	KPN	RDZ	PPN	LIT
Grupa 1	0,296	0,269	0,212	0,255	0,456	0,484	0,649	0,522	0,543	0,444	0,779	0,548	0,564	0,485
Grupa 2	0,704	0,731	0,788	0,745	0,544	0,516	0,351	0,478	0,457	0,556	0,221	0,452	0,436	0,515

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.

N – liczba zanalizowanych osobników w poszczególnych populacjach.

Tabela 28. Średnia liczba migrantów (Nm) i całkowita liczba migrantów wymienianych między dwiema populacjami na pokolenie (M) oraz proporcja Nm dla 11 loci mikrosatelitarnego DNA/mtDNA-cr.

Para populacji	mtDNA-cr		mikrosatelitarny DNA		Nm dla loci mikrosatelitarnych/ Nm mtDNA-cr
	Nm	M	Nm	M	
PAU – MRG	1,0	2	12,2	49	12,2
PAU – SRO	3,3	6,6	4,8	19	1,4
PKN – NPN	3,9	7,8	24,8	99,2	6,4
MSZ – LDZ	24,8	49,6	6,0	24	0,2
MRG – SRO	2,9	5,8	12,2	49	4,2
KWD – GWL	0,9	1,8	12,2	49	13,5
LDZ – KWD	24,8	49,6	8,1	32,4	0,3
LDZ – GWL	0,6	1,2	8,1	32,4	13,5
GWL – KPN	0,7	1,4	8,1	32,4	11,6
GWL – RDZ	2,9	5,8	12,2	49	4,2
KPN – RDZ	2,2	4,4	12,2	49	5,5

Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.

Tabela 29. Osobniki zidentyfikowane w programie GeneClass2, jako pierwsze pokolenie imigrantów (F_0) z prawdopodobieństwem $P < 0,01$ wraz ze wskazaniem ich najbardziej prawdopodobnych populacji źródłowych.

L.p.	Populacja*	Nr osobnika	Płeć	Populacja źródłowa	P
1.	BIE	18B	F	RDZ	0,008
2.	BIE	S323	F	SRO	0,005
3.	BIE	63A	F	GWL	0,000
4.	PKN	S259	M	PAU	0,008
5.	PKN	S261	M	RDZ	0,004
6.	NPN	274	F	LIT	0,008
7.	MSZ	S285	F	NPN	0,008
8.	SRO	S166	F	PAU	0,005
9.	LDZ	S370	M	MSZ	0,000
10.	GWL	S170	M	MSZ	0,010
11.	GWL	S379	F	LDZ	0,004
12.	GWL	S380	F	PAU	0,003
13.	GWL	S640	F	LDZ	0,008
14.	KPN	P177	M	BIE	0,001
15.	RDZ	S566	M	MSZ	0,008
16.	PPN	S97	F	RDZ	0,004

Populacja* – populacja, z której dany osobnik został pobrany do analiz genetycznych. Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1. F – samica; M – samiec.

Tabela 30. Parametry opisujące ekspansję demograficzną i przestrzenną obliczoną dla kladu Centralna Europa i Ural oraz gałęzi Biebrza i Fennoscandia.

Klad/Grupa	Ekspansja demograficzna					Ekspansja przestrzenna			
	τ	θ_0	θ_1	SSD	indeks <i>raggedness</i>	τ	θ	SSD	indeks <i>raggedness</i>
Centralna Europa	0 (0–0,516)	0 (0–0,012)	99999 (99869–99999)	0,373***	0,316	8,936 (0,274–15,070)	0,364 (0,001–1,744)	0,694	0,316
Biebrza ⁽¹⁾	3 (0,334–3,500)	0 (0–0,007)	0,267 (0–99999)	0,002	0,393	0,109 (0,062–1,564)	0,100 (0,001–0,149)	0,001	0,393
Biebrza ⁽²⁾	3 (0,406–3,500)	0 (0–0,009)	0,240 (0–99999)	0,001	0,432	0,091 (0,063–0,829)	0,131 (0,001–0,112)	0,001	0,432
Fennoscandia	3,000 (0,459–3)	0 (0–0,002)	0,087 (0–99999)	0,023	0,757	6,369 (0–11,807)	0,001 (0,001–0,001)	0,010	0,757
Ural	7,025 (0–93,025)	0 (0–4,500)	2,744 (0,857–99999)	0,297*	0,673**	6,517 (2,281–16,185)	0,001 (0,001–0,705)	0,158**	0,673

1 – grupa Biebrza utworzona przez osobniki posiadające haplotypy mtDNA-cr (607 pz): H1, H10, H13.

2 – grupa Biebrza utworzona przez osobniki posiadające haplotypy mtDNA-cr (351 pz): H1, H10, H13, H18.

τ – czas ekspansji od wielkości populacji N_0 do N_I liczony w jednostkach mutacyjnych; w nawiasach podałam 95% przedziały ufności.

θ_0 i θ_1 – iloczyn wielkości populacji N_0 i N_I i tempa mutacji; w nawiasach podałam 95% przedziały ufności.

SSD – wartość testu najmniejszych kwadratów i jego istotność statystyczna przy porównaniu oczekiwanego i obserwowanego rozkładu liczb niedopasowań nukleotydowych.

Indeks *raggedness* – wskaźnik nierówności obserwowanego rozkładu liczby niedopasowań nukleotydowych.

* < 0,05; ** < 0,02; *** < 0,001.