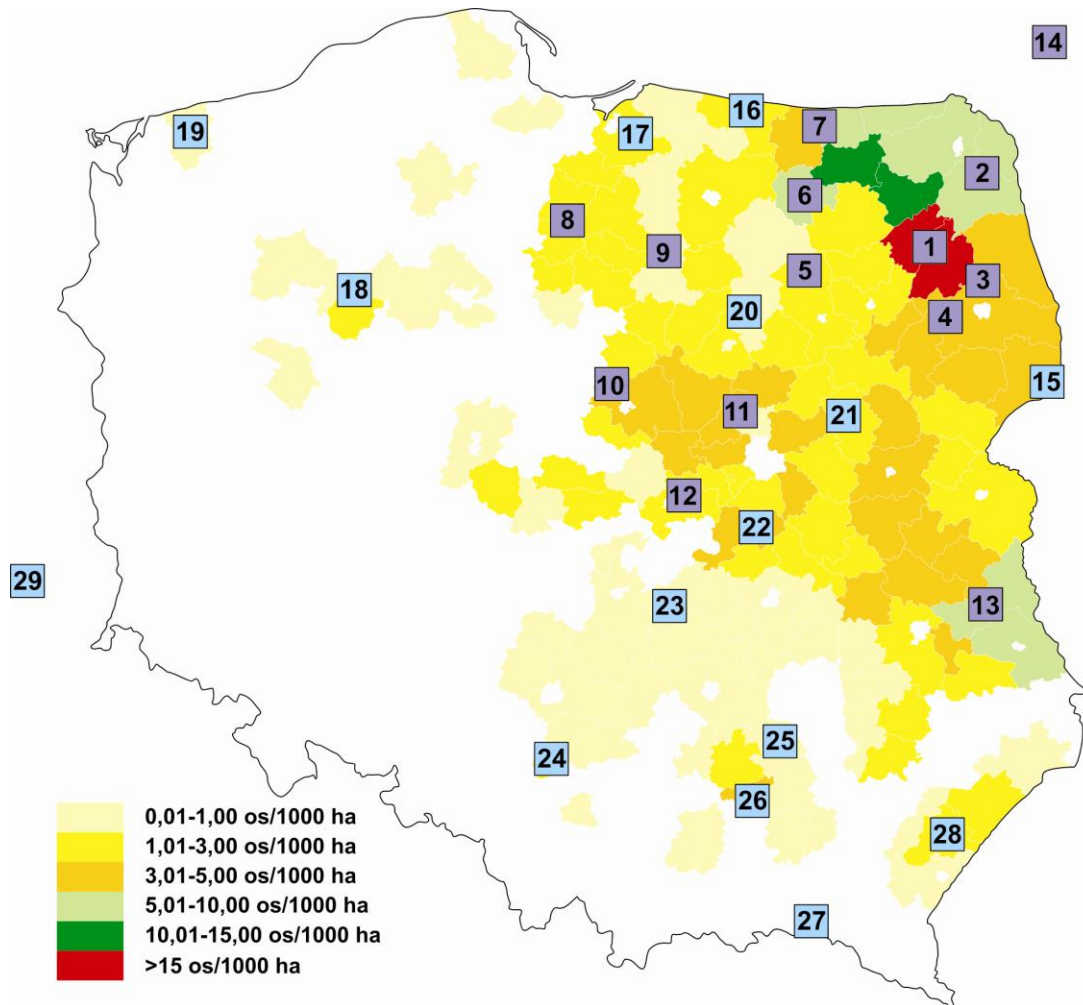
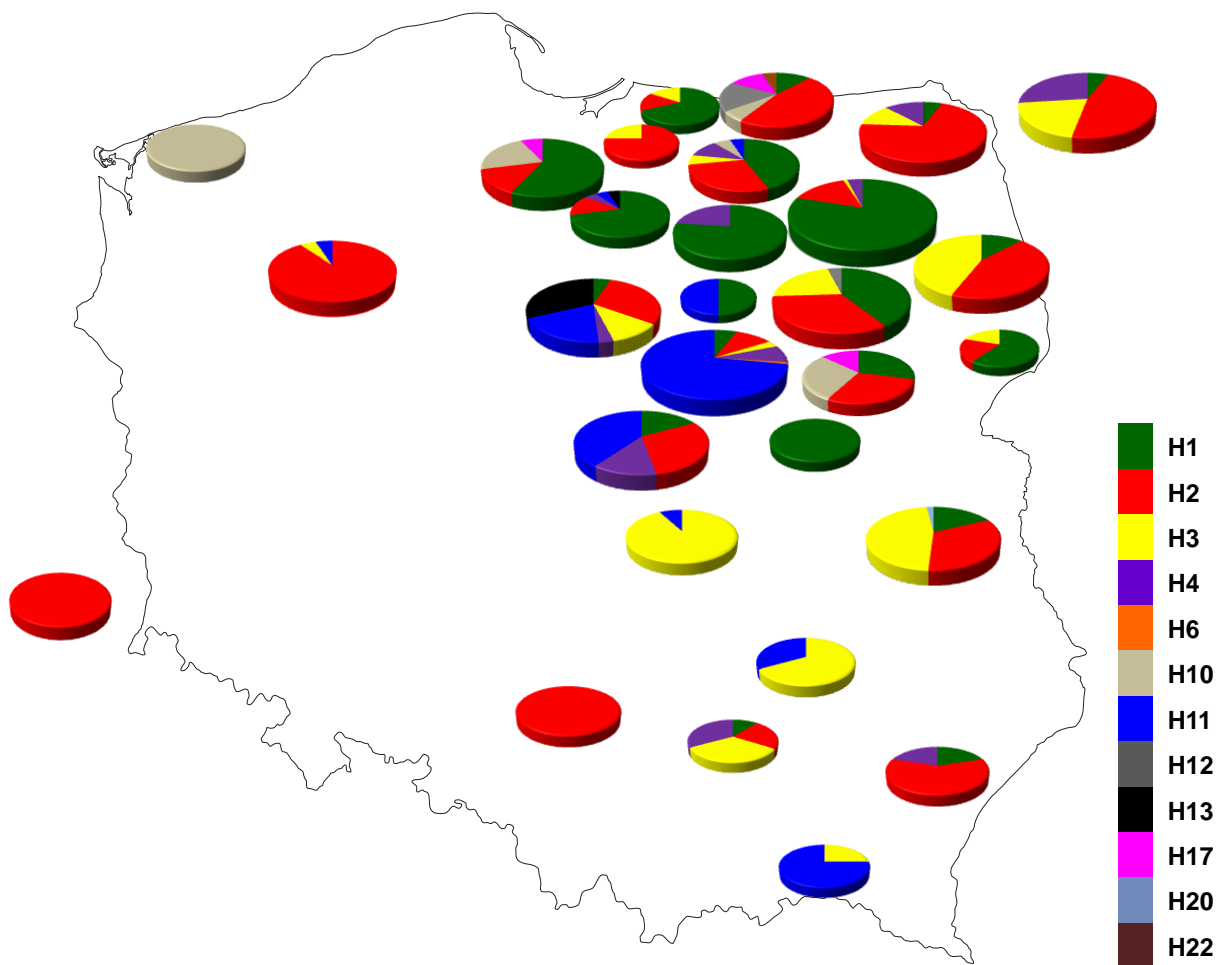


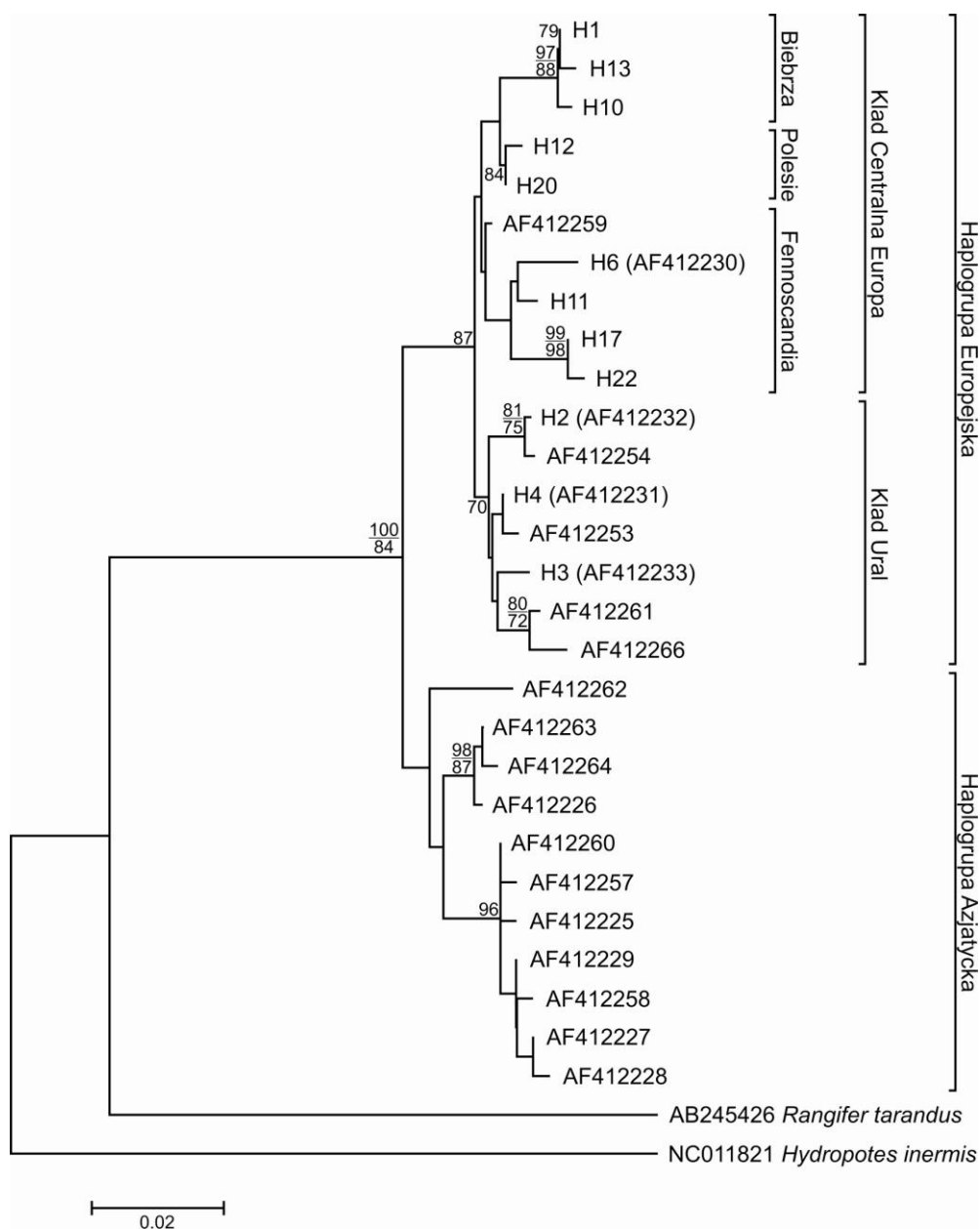
Ryciny



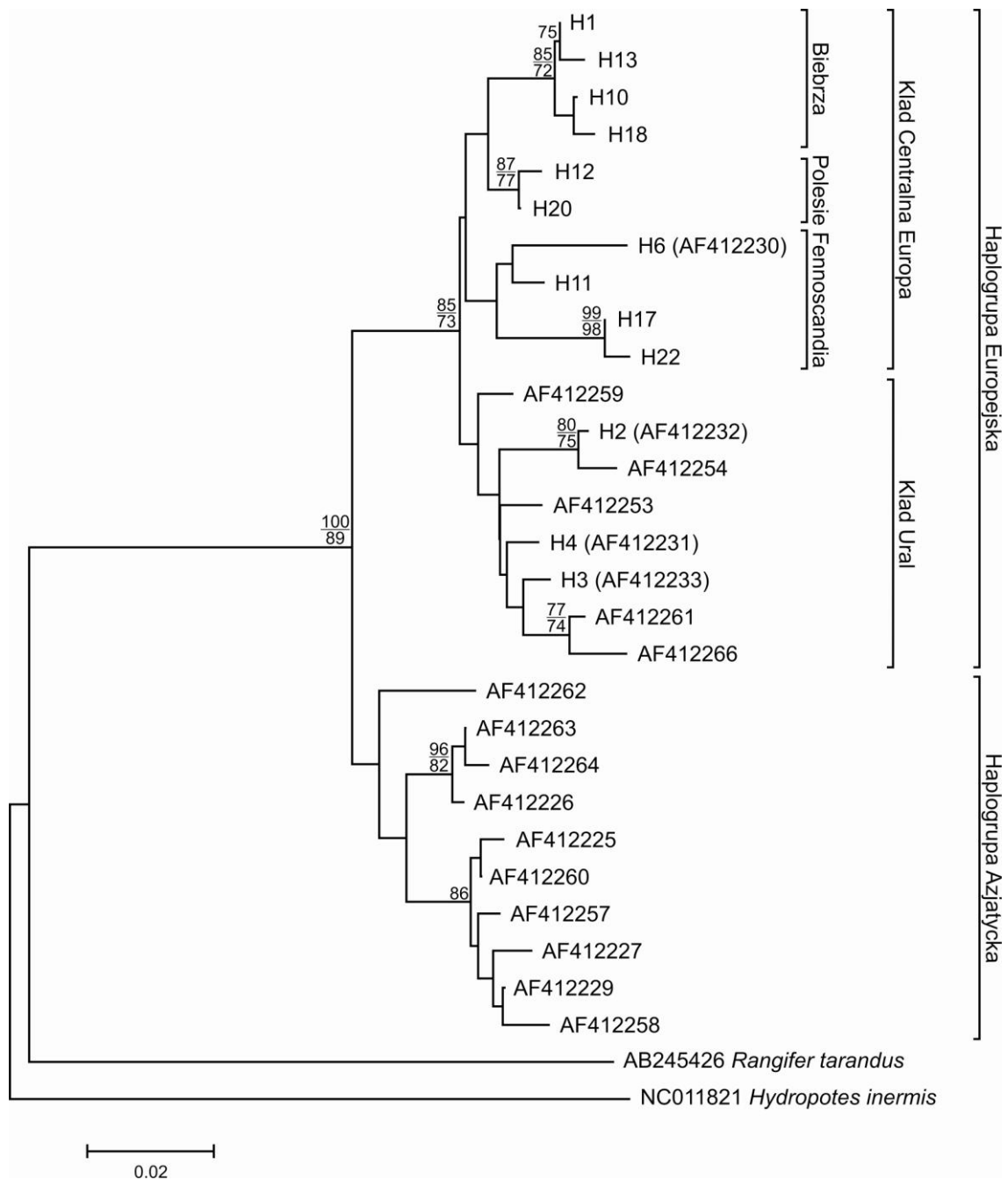
Rycina 1. Zasięg i zagęszczenie łosi (liczba osobników/1000 ha) w Polsce w roku 2010 oraz rozmieszczenie 29 analizowanych populacji łosi. Na fioletowo zaznaczone zostały populacje (nr 1 – 14) uwzględnione w analizach zróżnicowania genetycznego, na niebiesko populacje (nr 15 – 29), które wraz z populacjami 1 – 14 posłużyły do uzyskania ogólnego obrazu zmienności genetycznej u łosi.



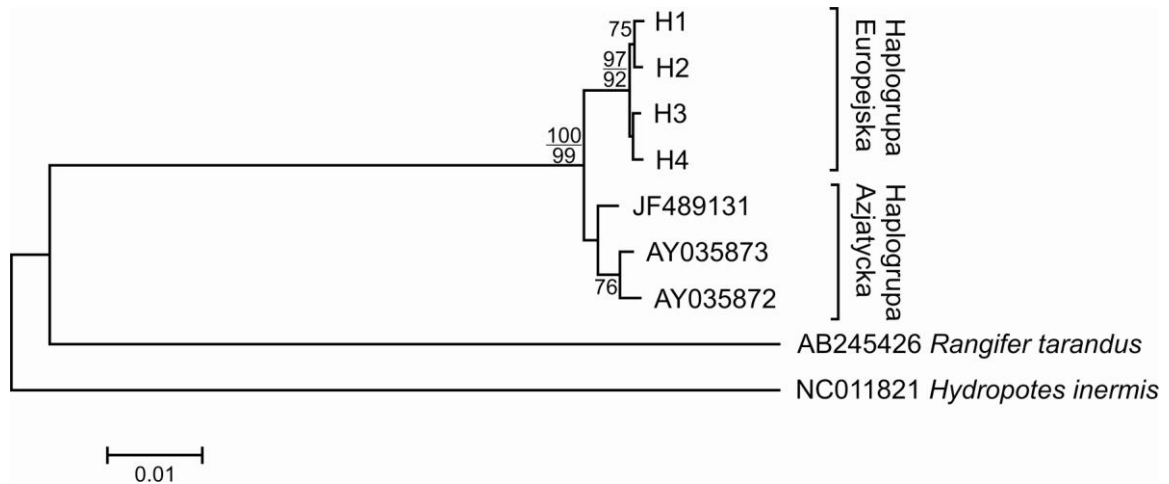
Rycina 2. Frekwencja 12 haplotypów regionu kontrolnego mtDNA badanego odcinka o długości 607 par zasad w 27 populacjach łosi z Polski, jednej z Litwy oraz jednej z Niemiec.



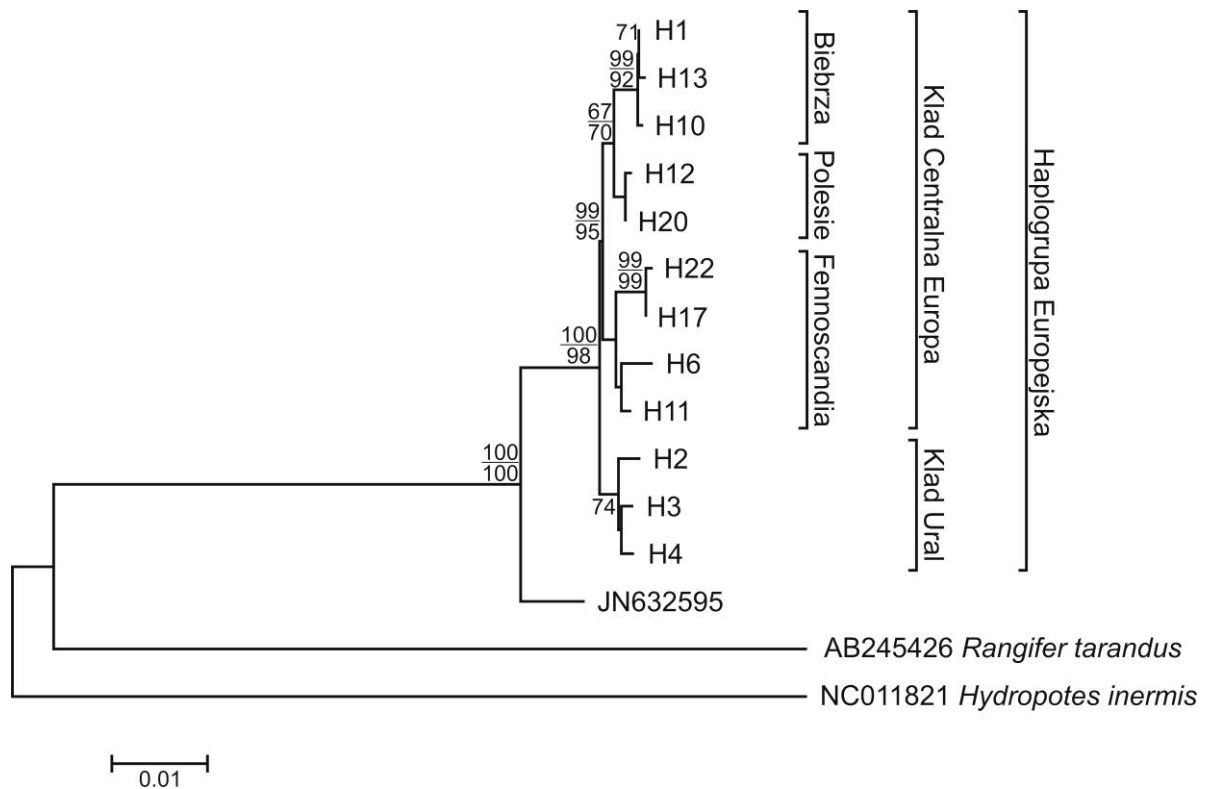
Rycina 3. Drzewo filogenetyczne skonstruowane metodą łączenia sąsiadów (ang. *neighbor-joining*; *NJ*) odzwierciedlające pokrewieństwa filogenetyczne między haplotypami mtDNA-cr (607 pz) łosi. Jako grupę zewnętrzną wykorzystałam sekwencje mtDNA jelonka błotnego, *Hydropotes inermis* i renifera, *Rangifer tarandus*. Pozostałe numery haplotypów mtDNA-cr łosi pochodzą z GenBanku i zostały objaśnione w rozdziale Materiały i Metody. Haplotypy łosi stwierdzone w Polsce oznaczyłam symbolem „H” oraz odpowiednim numerem. Ocenę istotności statystycznej drzewa uzyskałam wykonując test samopróbkowania (ang. *bootstrap*, 1000 replikacji). Procent poparcia *bootstrap* (ang. *bootstrap support*, *BS*) > 70% pozwala przypisać otrzymanemu węzłowi duże prawdopodobieństwo. Nad kreską znajdują się wartości poparcia *bootstrap* uzyskane dla drzewa *NJ*, natomiast pod kreską wartości poparcia *bootstrap* dla drzewa filogenetycznego skonstruowanego metodą maksymalnego prawdopodobieństwa (ang. *maximum likelihood*, *ML*) zgodnie z modelem sekwencji ewolucji HKY +I.



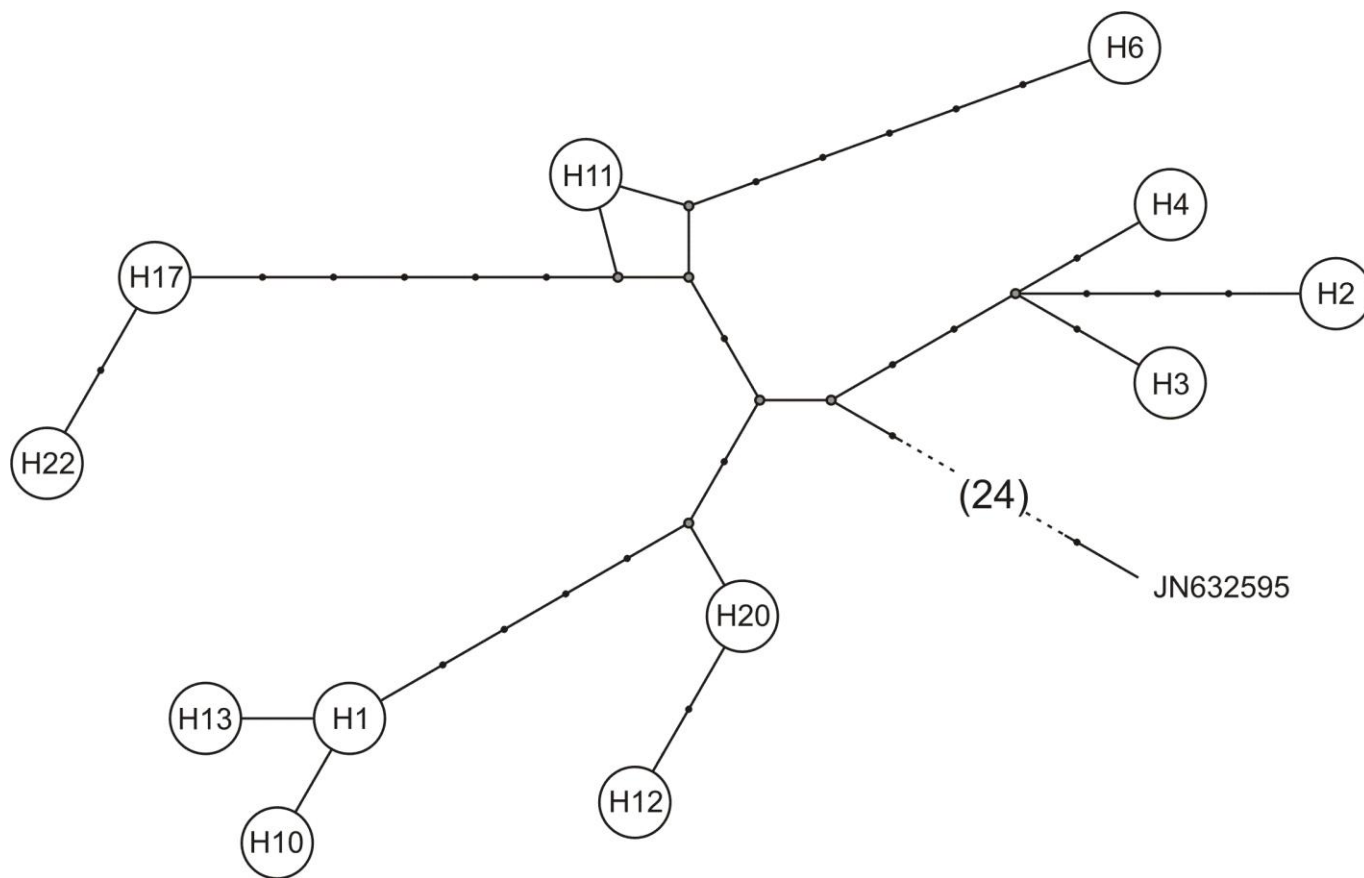
Rycina 4. Drzewo filogenetyczne skonstruowane metodą łączenia sąsiadów (ang. *neighbor-joining*; *NJ*) odzwierciedlające pokrewieństwa filogenetyczne między haplotypami mtDNA-cr (351 pz) łosi. Jako grupę zewnętrzną wykorzystałam sekwencje mtDNA jelonka błotnego, *Hydropotes inermis* i renifera, *Rangifer tarandus*. Pozostałe numery haplotypów mtDNA-cr łosi pochodzą z GenBanku i zostały objaśnione w rozdziale Materiały i Metody. Haplotypy łosi stwierdzone w Polsce oznaczyłam symbolem „H” oraz odpowiednim numerem. Ocenę istotności statystycznej drzewa uzyskałam wykonując test samopróbkowania (ang. *bootstrap*, 1000 replikacji). Procent poparcia *bootstrap* (ang. *bootstrap support*, *BS*) > 70% pozwala przypisać otrzymanemu węzłowi duże prawdopodobieństwo.



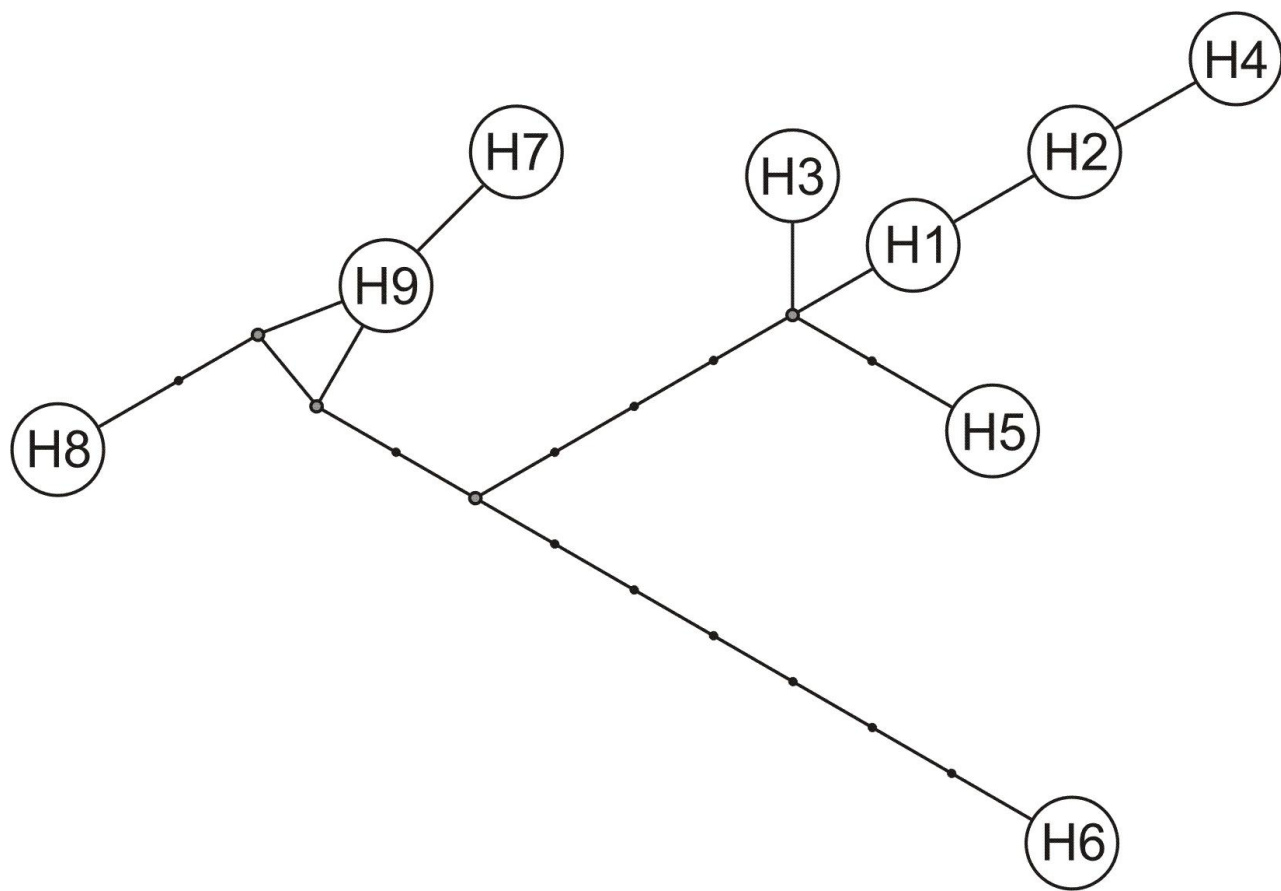
Rycina 5. Drzewo filogenetyczne skonstruowane metodą łączenia sąsiadów (ang. *neighbor-joining*; *NJ*) odzwierciedlające pokrewieństwa filogenetyczne między haplotypami cytochromu *b* mtDNA (1140 pz) łośi. Jako grupę zewnętrzną wykorzystałam sekwencje mtDNA jelonka błotnego, *Hydropotes inermis* i renifera, *Rangifer tarandus*. Haplotypy łośi cytochromu *b* mtDNA z haplogrupy Azjatyckiej pochodzą z GenBanku i zostały objaśnione w rozdziale Materiały i Metody. Haplotypy łośi stwierdzone w Polsce oznaczyłam symbolem „H” oraz odpowiednim numerem. Ocenę istotności statystycznej drzewa uzyskałam wykonując test samopróbkowania (ang. *bootstrap*, 1000 replikacji). Procent poparcia *bootstrap* (ang. *bootstrap suport*, *BS*) > 70% pozwala przypisać otrzymanemu węzłowi duże prawdopodobieństwo. Nad kreską znajdują się wartości poparcia *bootstrap* uzyskane dla drzewa *NJ*, natomiast pod kreską wartości poparcia *bootstrap* dla drzewa filogenetycznego skonstruowanego metodą maksymalnego prawdopodobieństwa (ang. *maximum likelihood*, *ML*) zgodnie z modelem sekwencji ewolucji HKY.



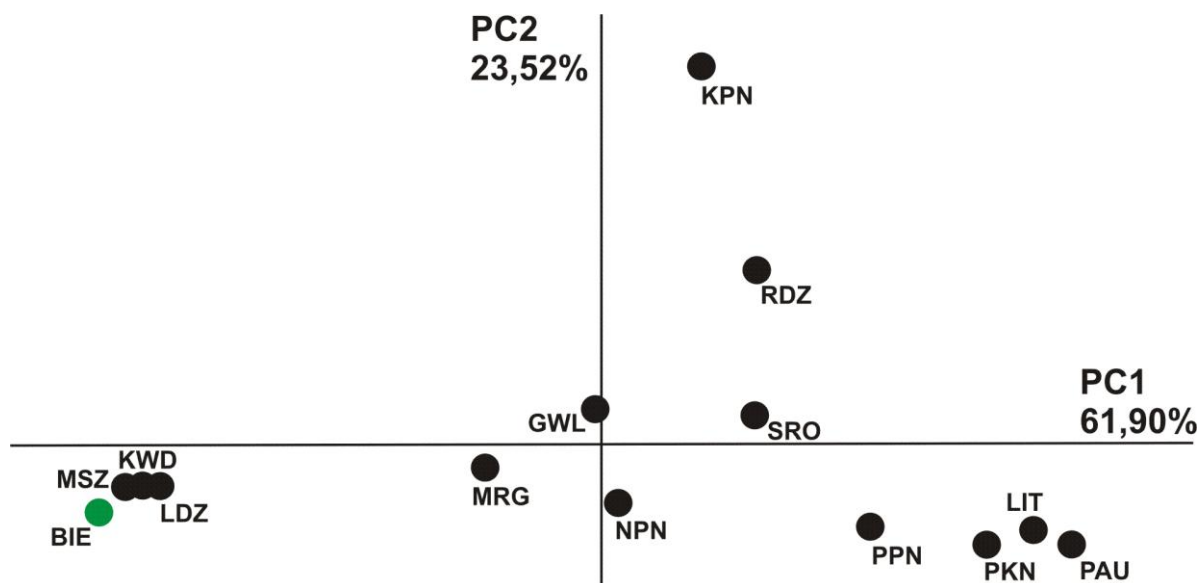
Rycina 6. Drzewo filogenetyczne skonstruowane metodą łączenia sąsiadów (ang. *neighbor-joining*; *NJ*) odzwierciedlające pokrewieństwa filogenetyczne między haplotypami mtDNA (mtDNA-cr + *cytb*, 1747 pz) łośi. Jako grupę zewnętrzną wykorzystałam sekwencje mtDNA jelonka błotnego, *Hydropotes inermis* i renifera, *Rangifer tarandus*. Haplotypy łośi stwierdzone w Polsce oznaczyłam symbolem „H” oraz odpowiednim numerem. Do konstrukcji drzew wykorzystałam również sekwencję mtDNA łośia o numerze GenBank *JN632595* należącego do haplogrupy Azjatyckiej. Ocena istotności statystycznej drzewa uzyskałam wykonując test samopróbkowania (ang. *bootstrap*, 1000 replikacji). Procent poparcia *bootstrap* (ang. *bootstrap support*, *BS*) > 70% pozwala przypisać otrzymanemu węzłowi duże prawdopodobieństwo. Nad kreską znajdują się wartości poparcia *bootstrap* uzyskane dla drzewa *NJ*, natomiast pod kreską wartości poparcia *bootstrap* dla drzewa filogenetycznego skonstruowanego metodą maksymalnego prawdopodobieństwa (ang. *maximum likelihood*, *ML*) zgodnie z modelem sekwencji ewolucji HKY +G + I.



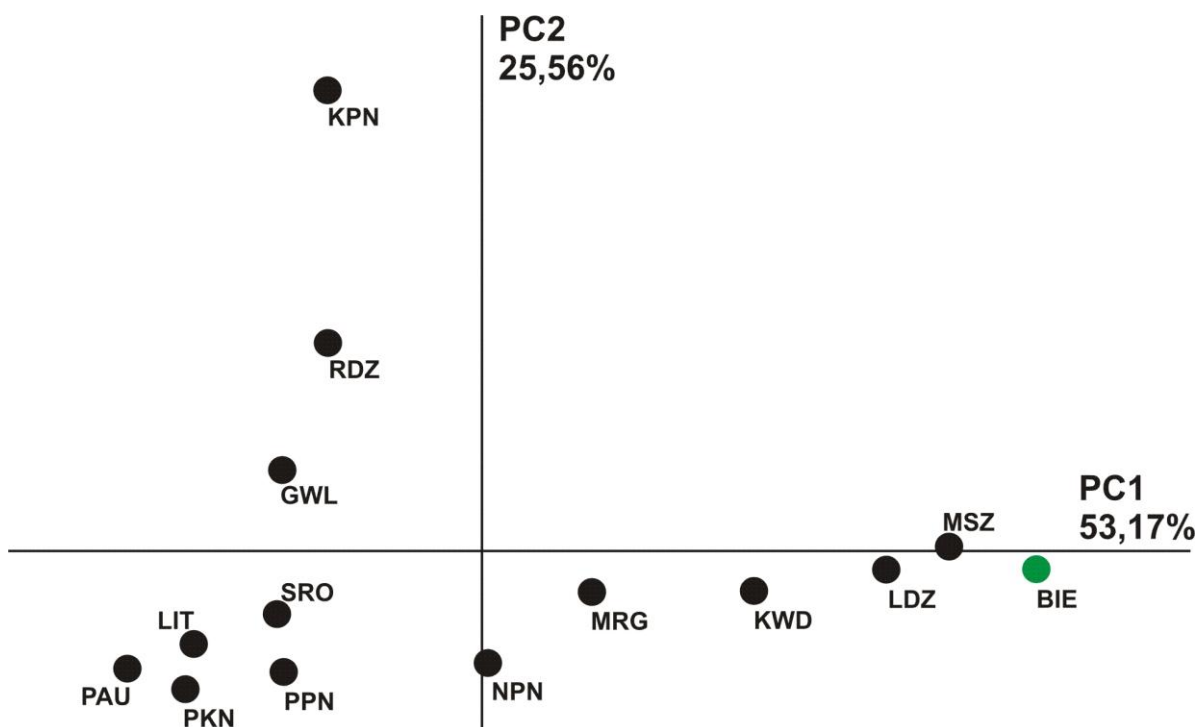
Rycina 7. Sieć ilustrująca pokrewieństwa filogenetyczne między haplotypami mtDNA (mtDNA-cr + *cytb*, 1747 pz) u łośi w Europie. Haplotypy łośi stwierdzone w Polsce oznaczyłam symbolem H oraz odpowiednim numerem. Do konstrukcji sieci wykorzystałam również sekwencję mtDNA łośia o numerze GenBank JN632595 należącego do haplogrupy azjatyckiej. Małe czarne kółka oznaczają brakujące haplotypy, natomiast krótkie odcinki oznaczają mutacje różniące poszczególne haplotypy.



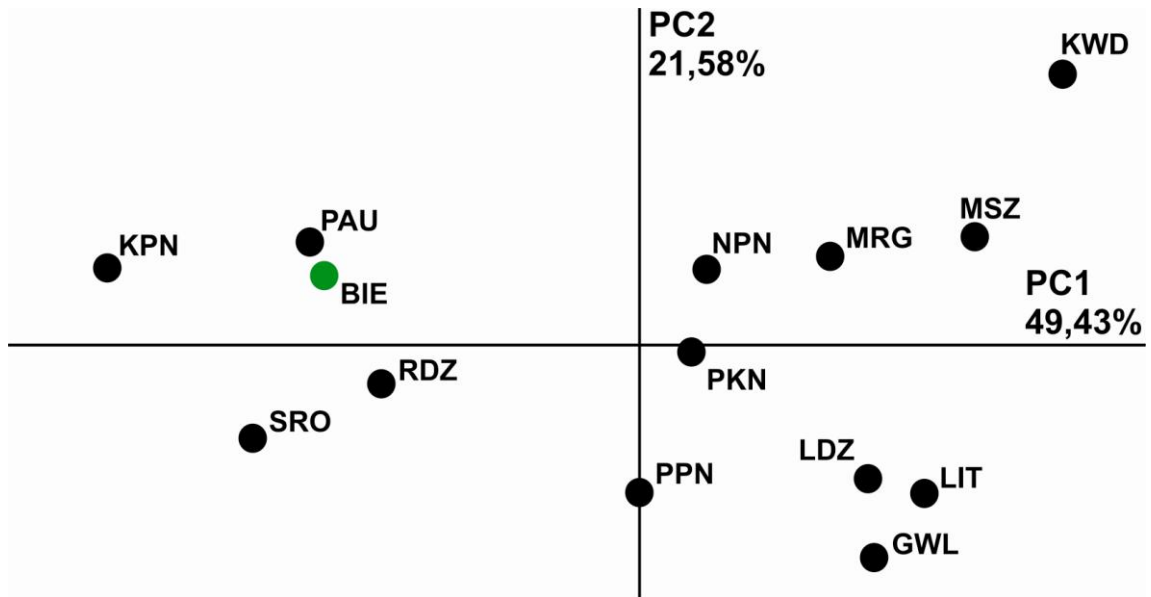
Rycina 8. Sieć ilustrująca pokrewieństwa filogenetyczne między haplotypami genu *DBY14* (129 pz) u łosi (haplotypy H1 – H4), sarny europejskiej, *Capreolus capreolus* i syberyjskiej, *C. pygargus* (H5), bawołu domowego, *Bubalus bubalis* (H6; GenBank nr AY936552), bizona, *Bison bison* (H7; GenBank nr AY936553), gaura, *Bos gaurus* (H8; GenBank nr AY936554) i bydła, *Bos taurus* (H9; GenBank nr AY936555). Małe czarne kółka oznaczają brakujące haplotypy, natomiast krótkie odcinki oznaczają mutacje różniące poszczególne haplotypy.



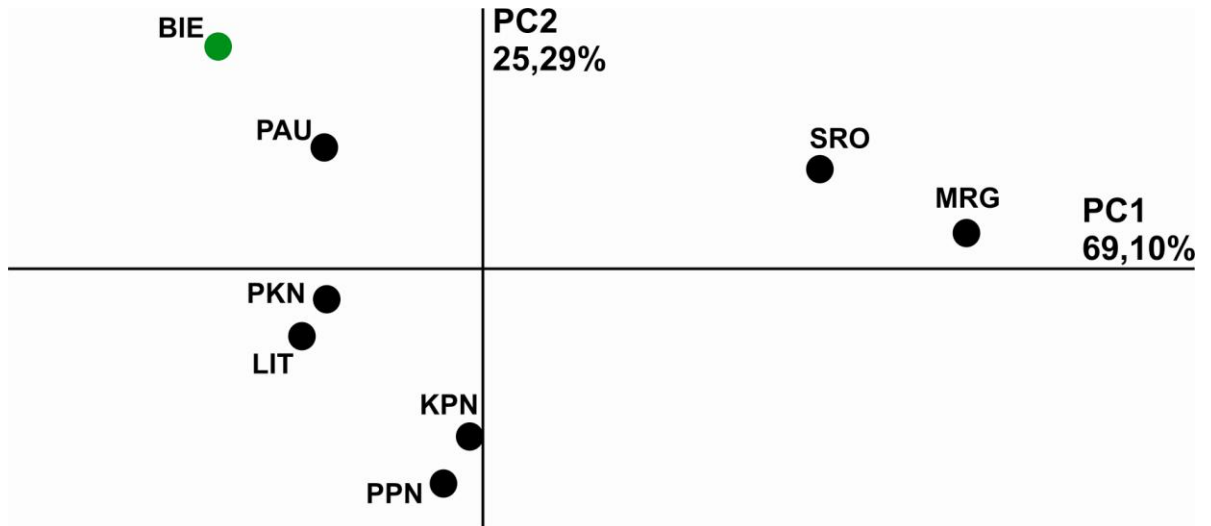
Rycina 9. Ilustracja graficzna wyników analizy składowych głównych (PCA) wykonanej na bazie macierzy wartości Φ_{ST} w mtDNA-cr dla 13 populacji łośi z Polski i jednej populacji z Litwy. Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.



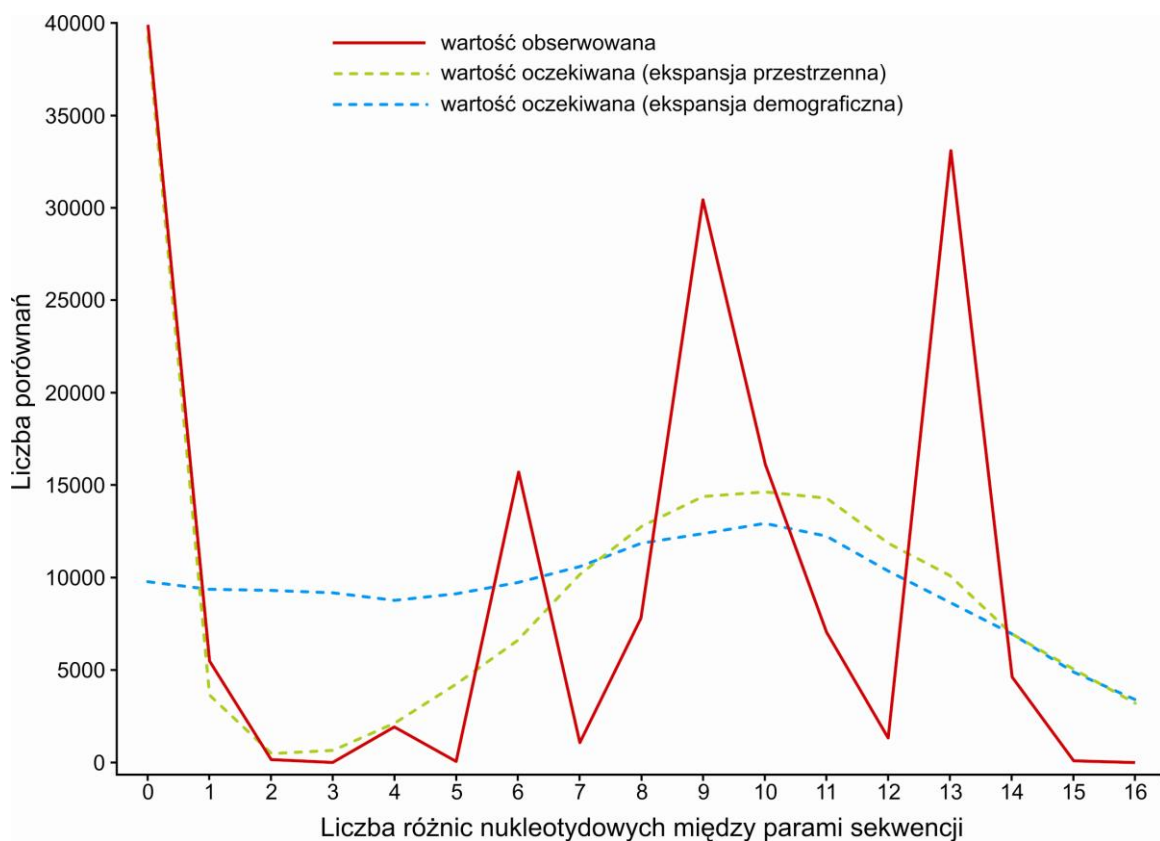
Rycina 10. Ilustracja graficzna wyników analizy składowych głównych (PCA) wykonanej na bazie macierzy wartości F_{ST} w mtDNA-cr dla 13 populacji łośi z Polski i jednej populacji z Litwy. Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.



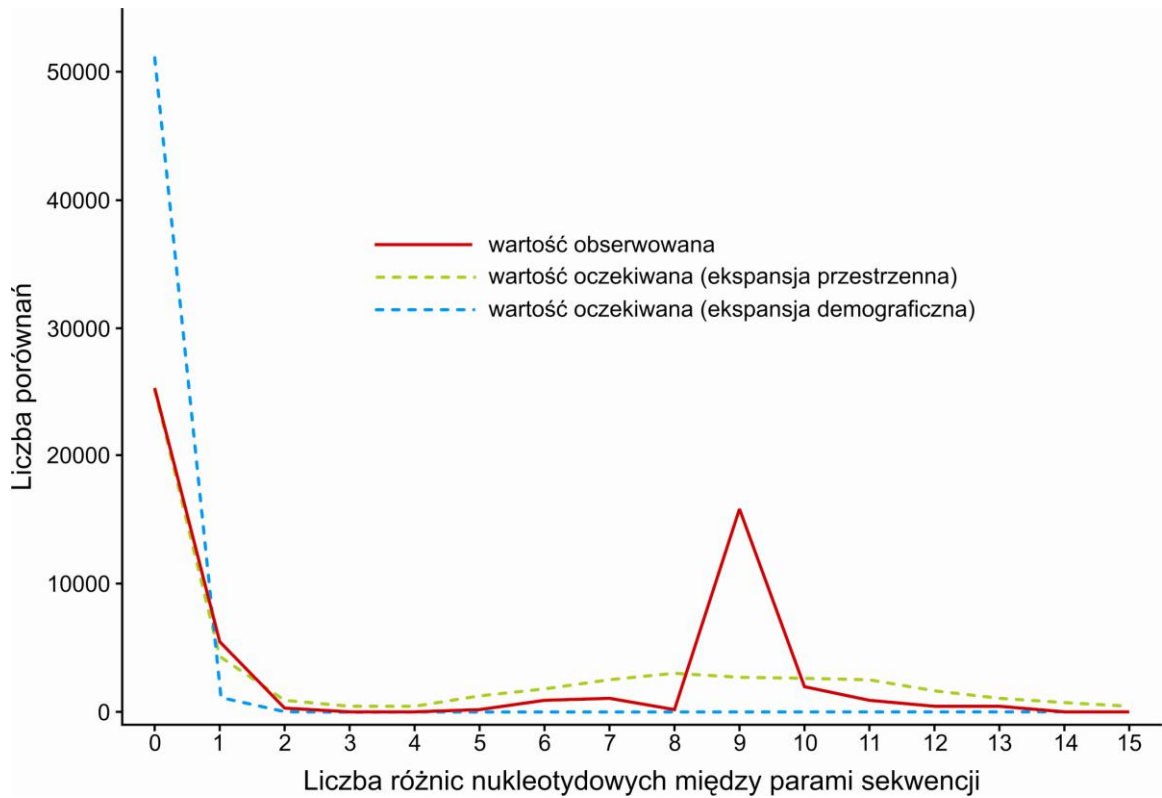
Rycina 11. Ilustracja graficzna wyników analizy składowych głównych (PCA) wykonanej na bazie macierzy wartości R_{ST} w 11 loci mikrosatelitarnego DNA dla 13 populacji łośi z Polski i populacji z Litwy. Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.



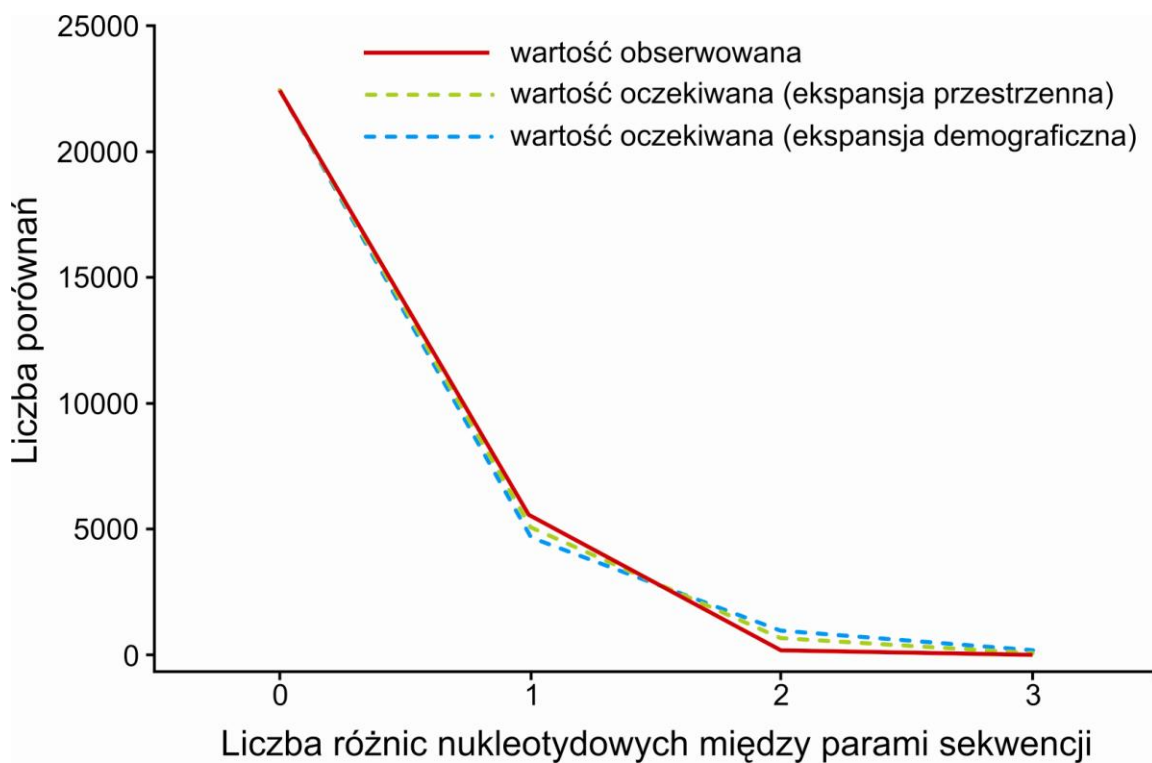
Rycina 12. Ilustracja graficzna wyników analizy składowych głównych (PCA) wykonanej na bazie macierzy wartości F_{ST} w *MHC II DRB* dla 7 populacji łośi z Polski i jednej populacji z Litwy. Symbole populacji zostały wyjaśnione w Tabeli 1.



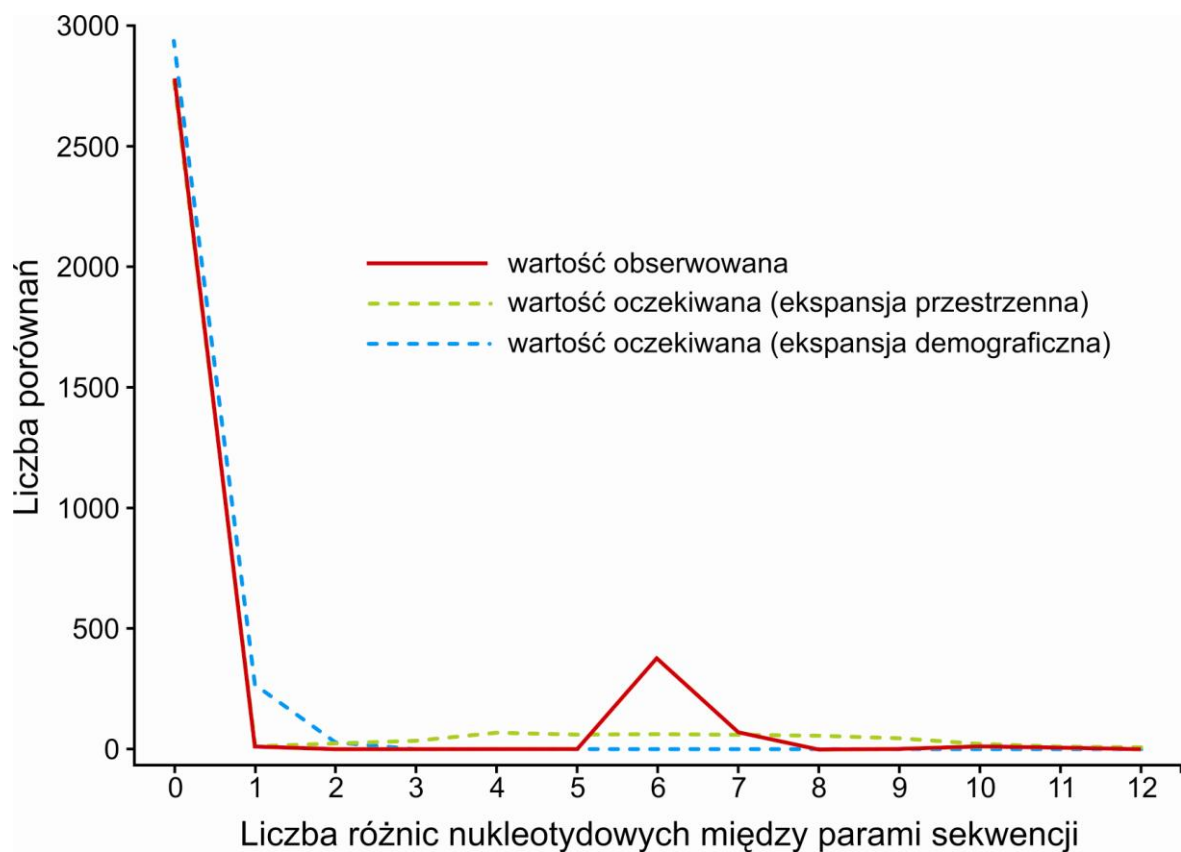
Rycina 13. Wykres rozkładu liczby niedopasowań nukleotydowych par porównywanych sekwencji (ang. *mismatch distribution*) wyznaczone z analizy haplotypów mtDNA-cr (607 pz) dla 13 populacji łośi z Polski.



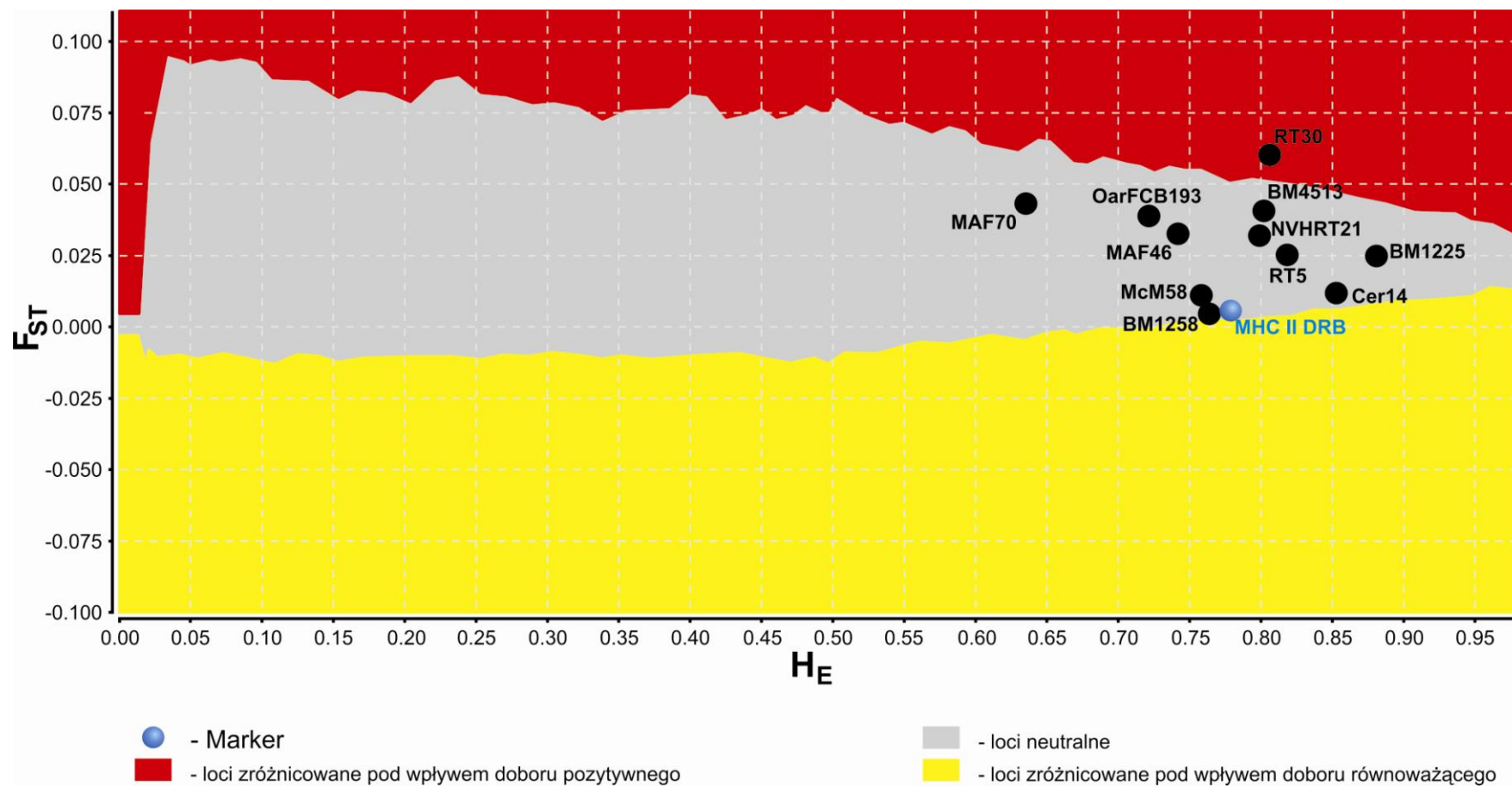
Rycina 14. Wykres rozkładu liczby niedopasowań nukleotydowych par porównywanych sekwencji (ang. *mismatch distribution*) wyznaczone z analizy haplotypów mtDNA-cr (607 pz) należących do kladu Centralna Europa.



Rycina 15. Wykres rozkładu liczby niedopasowań nukleotydowych par porównywanych sekwencji (ang. *mismatch distribution*) wyznaczone z analizy haplotypów mtDNA-cr (607 pz) należących do gałęzi Biebrza.



Rycina 16. Wykres rozkładu liczby niedopasowań nukleotydowych par porównywanych sekwencji (ang. *mismatch distribution*) wyznaczone z analizy haplotypów mtDNA-cr (607 pz) należących do gałęzi Fennoscandia.



Rycina 17. Wpływ doboru na gen *MHC II DRB* przy wykorzystaniu 11 loci mikrosatelitarnych jako neutralne tło genetyczne, na które z założenia nie działa dobór naturalny. Analizy, które umożliwiły wygenerowanie przedstawionej ryciny zostały wykonane w programie Lositan, który pozwala wyznaczyć związek pomiędzy współczynnikiem F_{ST} Wright'a i heterozygotycznością oczekiwaną (H_E).