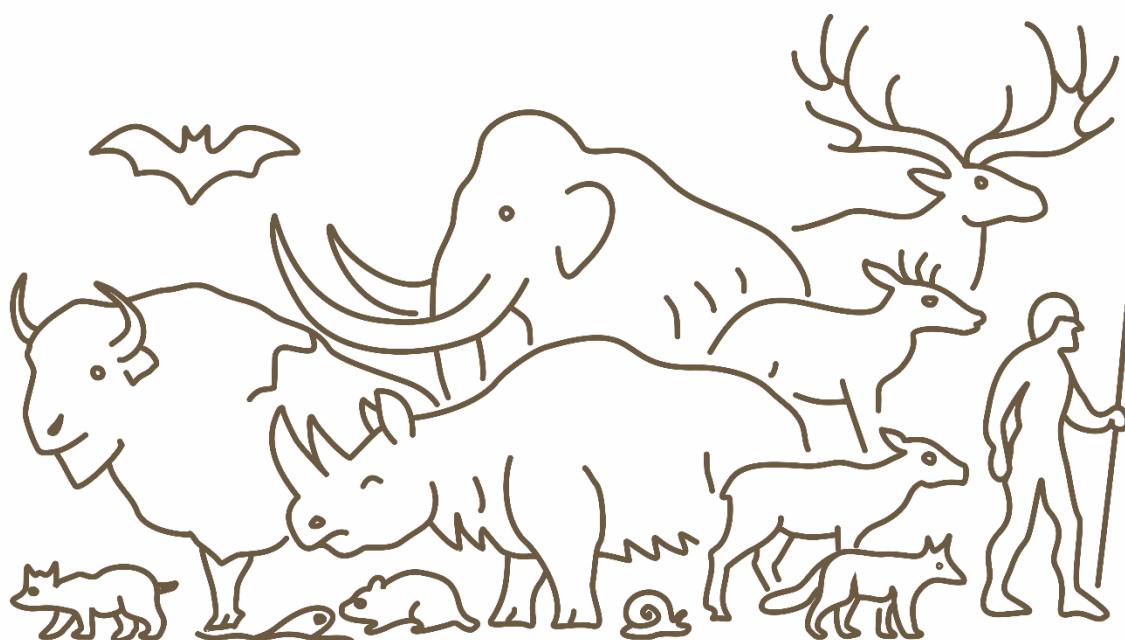


7. konferencja „Zróżnicowanie gatunkowe i genetyczne fauny plejstocenu i holocenu w Eurazji” w ramach corocznych spotkań Konsorcjum „Centrum Badań nad Fauną Plejstocenu i Holocenu Europy”

7th conference "Species and genetic diversity of the Pleistocene and Holocene fauna in Eurasia", an annual meeting of the "Centre for Research on the Pleistocene and Holocene Fauna of Europe"

Smoleń, 03-06.09.2025



KSIĄŻKA ABSTRAKTÓW / *BOOK OF ABSTRACTS*

Redakcja/*Editors:*

Zuzanna Majbrodzka, Izabela Cabała, Olha Synkovska, Magdalena Krajcarz, Maciej T. Krajcarz

Instytut Nauk Geologicznych PAN, Warszawa



Konferencja dofinansowana ze środków Polskiej Akademii Nauk

The conference gets a financial support from the Polish Academy of Sciences

Organizatorzy / *The organizers:*

Polska Akademia Nauk – program Otwarta Nauka

Instytut Nauk Geologicznych PAN

Instytut Archeologii Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu

Zespół Parków Krajobrazowych Województwa Śląskiego

Komitet Biologii Środowiskowej i Ewolucyjnej PAN

Komitet organizacyjny / *The organizing committee:*

dr hab. Maciej Krajcarz

dr Magdalena Krajcarz

prof. dr hab. Rafał Kowalczyk

mgr Paweł Kokoszka

mgr Izabela Cabała

mgr Zuzanna Majbrodzka

mgr Olha Synkovska



Komitet
Biologii Środowiskowej
i Ewolucyjnej

PROGRAM

7. konferencji „Zróżnicowanie gatunkowe i genetyczne fauny plejstocenu i holocenu w Eurazji”
w ramach corocznych spotkań Konsorcjum „Centrum Badań nad Fauną Plejstocenu i Holocenu
Europy”

PROGRAM

*of the 7th conference "Species and genetic diversity of the Pleistocene and Holocene fauna in Eurasia",
an annual meeting of the "Centre for Research on the Pleistocene and Holocene Fauna of Europe"*

Smoleń, 03-06.09.2025

Środa (Wednesday), 03.09.2025	
15:00–18:00	Rejestracja uczestników (registration of participants)
18:00–19:00	Kolacja (dinner)

Czwartek (Thursday), 04.09.2025	
07:30–08:30	Śniadanie (breakfast)
08:30–09:00	Rejestracja uczestników (registration of participants)
09:00–09:20	Otwarcie konferencji (opening of the conference)
09:20–10:50	Sesja referatowa I (talk session I)
09:20–09:35	Aneta Sojka , Milena Piątkowska, Dorota Okoń: FENIX – szansa dla przyrody. Dobre praktyki w zakresie ochrony cennych przyrodniczo siedlisk i gatunków w PK „Orlich Gniazd” nr FENX.01.05-IW.01-0023/24
09:35–09:55	Rafał Kowalczyk : Uchodźcy wśród ssaków – lekcja z przeszłości
09:55–10:10	Antonio Borrani, Paweł Mackiewicz , Oleksandr Kovalchuk, Zoltán Barkaszi, Chiara Capalbo, Anastasiia Dubikovska, Urszula Ratajczak-Skrzatek, Maxim Sinita, Krzysztof Stefaniak, Paul P.A. Mazza: Phylogenetic insights into the evolutionary history of Rhinocerotidae under climatic changes
10:10–10:30	Oliwia Oszczepalińska , Ursula B. Göhlich, Anna Kaisa-Salmi, Martina Roblíčková, Krzysztof Stefaniak, Kjetil Lysne Voje: Zmienność morfologiczna, a adaptacje środowiskowe plejstocentrycznych reniferów <i>Rangifer tarandus</i> w Europie Środkowej
10:30–10:50	Karol Karbowski , Urszula Ratajczak-Skrzatek, Krzysztof Stefaniak: Plejstocentryczne konie Europy Środkowej: nowe dane dotyczące zmienności i biostratygrafii rodzaju <i>Equus</i> Linnaeus, 1758
10:50–11:20	Przerwa kawowa (coffee break)
11:20–12:40	Sesja referatowa II (talk session II)
11:20–11:40	Adam Nadachowski , Anna Lemanik, Andrea Pereswiet-Soltan, Grzegorz Lipecki, Georgios L. Georgalis, Sylwia Pospuła, Mateusz Baca, Paweł Valde-Nowak, Marian Soják,

	Krzysztof Wertz, Katarzyna Zarzecka-Szubińska: Wstępne wyniki badań fauny magdaleńskiego stanowiska Jaskinia Hučivá (Tatry, Słowacja)
11:40–12:00	Jarosław Wilczyński , Damian Stefański: Czekałam 50 lat... Jaskinia Mamutowa i Nietoperzowa w świetle najnowszych badań
12:00–12:20	Claudio Berto , Mateusz Baca, Maciej T. Krajcarz, Magdalena Krajcarz: Upper Pleistocene small mammals from Perspektywiczna Cave: Insights into taphonomy and paleoenvironment
12:20–12:40	Andrea Pereswiet-Soltan : Pilotażowy projekt wykorzystania guana nietoperzy z jaskiń do rekonstrukcji środowiskowych, faunistycznych i klimatycznych
12:40–13:40	Obiad (lunch)
13:40–15:00	Sesja referatowa III (talk session III)
13:40–14:00	Aleksandra Deroń, Barbara Bujalska, Ahmad Mahmoudi, Boris Krystufek, Armando Nappi, Aleksander Bukhnikashvili, Claudio Berto, Adam Nadachowski, Mateusz Baca : Zmienność genetyczną eurazjatyckich karczowników (<i>Arvicola</i> sp.) ukształtował niedawny przepływ genów
14:00–14:20	Alicja Anna Kaźmierkiewicz , Mateusz Baca: Does climate change have to change anything? Younger Dryas impact on Western Carpathian populations of the Short-tailed Field Vole (<i>Microruts agrestis</i>)
14:20–14:40	Gabriela Damentka , Claudio Berto, Grégory Abrams, Kevin Di Modica, Lutz Maul, Mateusz Baca: Analiza filogenetyczna norników darniowych z wykorzystaniem kopalnego DNA w celu wyjaśnienia taksonomii i ujawnienia reakcji na zmiany klimatu w przeszłości ~założenia projektu PRELUDIUM 2024
14:40–15:00	Danijela Popović , Maciej T. Krajcarz, Marco De Martino, Jelena Bulatović, Vesna Dimitrijević, Daniel Makowiecki, Adrian Marciszak, Nemanja Marković, Mladen Mladenović, Stefan Pop-Lazić, Ivana Živaljević, Jarosław Wilczyński, Claudio Ottoni, Mateusz Baca, Magdalena Krajcarz: Paleogenomic insights into reduced gene flow between <i>Felis</i> species in Eastern Europe throughout the Holocene
15:00–15:30	Przerwa kawowa (coffee break)
15:30–16:45	Sesja referatowa IV (talk session IV)
15:30–15:45	Aleksandra Żeromska, Mateusz Baca, Danijela Popović, Urszula Ratajczak-Skrzatek, Krzysztof Stefaniak, Adam Nadachowski, Paula F. Campos, Alexandru Petculescu, Magdalena Krajcarz, Oleksandr Kovalchuk, Victoria Smagol, Bogdan Ridush, Paweł Mackiewicz : Preliminary genetic analyses of the saiga antelope (<i>Saiga tatarica</i>), a relic species from the Pleistocene
15:45–16:05	Magdalena Niedziałkowska , Danijela Popović, Mateusz Baca, Paweł Mackiewicz, Hanna Zalewska, Krzysztof Stefaniak, Bogdan Ridush, Oleksandr Kovalchuk, Urszula Ratajczak-Skrzatek, Michał Ostrówka, Michał Golubiński, Emilia Hofman-Kamińska,

	Rafał Kowalczyk, Kamilla Pawłowska, Daniel Makowiecki, Lembi Lõugas, Eve Rannamäe, Ulrich Schmölcke, Jarosław Wilczyński: Zmiana efektywnej wielkości populacji i rozmieszczenia linii filogenetycznych łosia (<i>Alces alces</i>) na skutek znaczących zmian środowiskowych w ciągu ostatnich 50 tysięcy lat w Eurazji
16:05–16:25	Martyna Molak , MlXS-MInAS Team: Building a community consensus standard for reporting ancient biomolecular metadata
16:25–16:45	Michał Golubiński , Łukasz Maurycy Stanaszek, Martyna Molak, Monika Patrzyk, Mateusz Baca: Historia Bałtów z obszaru dzisiejszej północno-wschodniej Polski w epoce żelaza i średniowieczu
16:45–17:30	Dyskusja panelowa (plenary discussion)
19:00–...	Kolacja przy ognisku (by-the-fireplace dinner)

Piątek (Friday), 05.09.2025	
07:30–08:30	Śniadanie (breakfast)
09:00–10:20	Sesja referatowa V (talk session V)
09:00–09:20	Witold Paweł Alexandrowicz , Sylwia Skoczylas-Śniaz: Późnoglacialna i holocenska malakofauna martwic wapiennych w Gliczarowie na Podhalu
09:20–09:40	Marcin Szymanek : Zespół malakofauny w osadach Jaskini Perspektywicznej (Wyżyna Krakowsko-Częstochowska)
09:40–10:00	Paulina Laskowska-Piekoszewska , Witold Paweł Alexandrowicz: Analiza zmian ekologicznych okolic Alwerni na podstawie malakofauny subfosalnej Gaudynowskich Skałek
10:00–10:20	Izabela Cabala , Maciej T. Krajcarz, Marcin Szymanek: Schronisko w Smoleniu III – nowe dane izotopowe
10:20–10:50	Przerwa kawowa (coffee break)
10:50–12:45	Sesja referatowa VI (talk session VI)
10:50–11:10	Piotr Wojtal , Joanna Religa-Sobczyk, Nina Kowalik, Sylwia Pospuła, Lembi Lõugas, Christoph Spötl, Teresa Tomek, Krzysztof Wertz: Badania zooarcheologiczne i izotopowe szczątków zwierząt ze stanowiska Ridala (wyspa Saaremaa, Estonia) z późnej epoki brązu
11:10–11:30	Nina Kowalik , Piotr Wojtal, Lembi Lõugas, Sylwia Pospuła, Natalia Sawka-Gądek, Joanna Religa-Sobczyk, Olgierd Felczak: Strategie łowieckie i mobilność fok w Epoce Brązu na południowo-wschodnim wybrzeżu Bałtyku
11:30–11:45	Jarosław Wilczyński , Marcin M. Przybyła, Krzysztof Tunia, Kamila Musiał, Katarzyna Ropka-Molik, Monika Stefaniuk-Szmukier, Sylwia Pospuła, Oliwia Oszczepalińska: Zbiorowy pochówek koni z trzcinieckiego stanowiska nr 6 w Kazimierzy Wielkiej (woj. świętokrzyskie) – wyniki badań interdyscyplinarnych
11:45–12:05	Olha Synkovska :

	Rola zwierząt w życiu mieszkańców średniowiecznego Sanoka (XII-XV w.) – metody badań specjalistycznych i ich potencjał poznawczy, prezentacja wstępnych wyników analizy archeozoologicznej
12:05–12:25	Zuzanna Majbrodzka: Znaczenie psa w społecznościach późnej epoki żelaza na terenie współczesnej Polski – dotychczasowe wyniki oraz perspektywy na przyszłość
12:25–12:45	Sylwia Pospuła: Analiza przyrostów cementu korzeniowego zębów jako narzędzie do określania sezonu śmierci zwierząt
12:45–13:45	Obiad (lunch)
13:45–14:00	Sesja posterowa (poster session)
13:45–13:50	Nina Kowalik , Sylwia Pospuła, Iván Ramírez-Pedraza, Florent Rivals, Oliwia Oszczepalińska, Katarzyna Zarzecka-Szubińska, Damian Stefański, Paweł Valde-Novak: Sezon śmierci i dieta niedźwiedzia jaskiniowego (<i>Ursus ingressus</i>) z Jaskini Ciemnej (Wyżyna Krakowsko-Częstochowska) w świetle analiz cementochronologicznych i mikrostarcia szkliva
13:50–13:55	Magdalena Krajcarz , Kyungcheol Choy, Daniel Makowiecki, Wim Van Neer, Hee Young Yun, Maciej T. Krajcarz: Dietary strategies in medieval urban cat populations through bulk and amino acid compound specific stable isotope analysis in bone collagen
13:55–14:00	Alicja Wudarska, Maciej T. Krajcarz , Piotr Wojtal, Jarosław Wilczyński: Preliminary oxygen isotope study of arvicoline teeth from the Kraków Spadzista site
14:00–14:40	Dyskusja panelowa (plenary discussion)
14:40–15:00	Podsumowanie konferencji (summing up of the conference)
15:30–18:00	Wycieczka terenowa I (field excursion I): Schronisko w Smoleniu III, Jaskinia Biśnik
19:00–20:00	Kolacja (dinner)

Sobota (Saturday), 06.09.2025	
07:30–08:30	Śniadanie (breakfast)
09:00–12:00	Wycieczka terenowa II (field excursion II): Jaskinia Perspektywiczna
12:00–12:20	Zakończenie konferencji (closing of the conference)

Późnoglacialna i holoceńska malakofauna martwic wapiennych w Gliczarowie na Podhalu

Witold Paweł Alexandrowicz¹, Sylwia Skoczylas-Śniaz²

¹ Akademia Górniczo-Hutnicza, Wydział Geologii Geofizyki i Ochrony Środowiska. Al. A. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków

² Instytut Botaniki im. Władysława Szafera, Polska Akademia Nauk, ul. Lubicz 46, 31-512 Kraków

Martwice wapienne są odsłonięte na połudnowo-zachodnim zboczu Gliczarowskiego potoku (prawobrzeżny dopływ Białego Dunajca) pomiędzy wsiami Białą Dunajec i Gliczarów. Stanowisko to zostało po raz pierwszy opisane w latach 30 – tych XX wieku. Pierwotnie określono wiek martwicy na interglacjał Eemski. Obejmujące rozpoznanie przestrzennego rozmieszczenia martwic wapiennych, obserwacje geomorfologiczne, litologiczne, a także badania malakofauny, cech izotopowych osadów i w końcu oznaczenia wieku jednoznacznie wskazały że omawiane osady wiążą się z okresem późny glacjał-holocen. Prowadzone przez wiele lat badania osadów węglanowych w Gliczarowie umożliwiły zgromadzenia bardzo bogatego materiału. Łącznie przedmiotem analiz było 13 profili, z których pobrano 71 próbek zawierających szczątki mięczaków. Dodatkowe 4 próbki reprezentują współcześnie wytrącane martwice wapienne. Oznaczona malakofauna obejmowała 72 gatunki reprezentowane przez prawie 30 000 okazów. Wiek osadów ustalono wykorzystując wyniki badań faunistycznych oraz datowań radiowęglowych (13 dat). Strefa występowania martwic wapiennych na stoku Gliczarowskiego Wierchu wiąże się z obecnością niewielkiego, płytkiego osuwiska. Jego ślady są obecnie słabo zaznaczone w terenie co wiąże się z jednej strony z naturalnymi procesami denudacyjnymi, a z drugiej z działalnością człowieka.

Rozpoznana w martwicach wapiennych malakofauna oraz wyniki datowań radiowęglowych pozwoliły z na charakterystykę zmian środowiska w okresie depozycji osadów węglanowych, a także na określenie chronologii rozwoju formy osuwiskowej. Najstarsze osady datowane na schyłek późnego glacjału zawierają stosunkowo ubogą zimnolubną faunę. Z tym okresem wiąże się także powstanie osuwiska. W czasie wczesnego holocenu obszar został porośnięty lasami iglastymi, a malakofauna stała się bardziej zróżnicowana taksonomicznie w odpowiedzi na postępującą poprawę warunków klimatycznych. W schyłku wczesnego holocenu nastąpiła aktywacja ruchów masowych. Powstałe wówczas osuwisko objęło część starszej formy. Malakofauna środkowego holocenu jest bardzo bogata i zróżnicowana. Cechuje się ona dominacją taksonów leśnych. Licznie pojawiają się formy o wysokich wymaganiach termicznych charakterystyczna dla lasów liściastych i mieszanych. Depozycja martwic wapiennych zostaje zatrzymana w starszej części późnego holocenu. Z tego okresy brak jest zapisu malakologicznego. W młodszej części późnego holocenu zaznacza się wyraźna zmiana cech malakofauny. Znacząco zmniejsza się rola gatunków ceniolubnych, podczas gdy udział taksonów środowisk otwartych (szczególnie form łąkowych) wyraźnie wzrasta. Jest to zapewne związane z działalnością człowieka, prowadzonymi przez niego wylesieniami, oraz rozwojem gospodarki rolnej (głównie hodowli). Współcześnie wytrącane martwice wapienne zawierają mało zróżnicowaną malakofaunę, której dominującym składnikiem są gatunki wodne typowe dla stref źródeł.

Upper Pleistocene small mammals from Perspektywiczna Cave: Insights into taphonomy and paleoenvironment

Claudio Berto¹, Mateusz Baca², Maciej T. Krajcarz³, Magdalena Krajcarz⁴

¹ Faculty of Archaeology, University of Warsaw, Ul. Krakowskie Przedmieście 26/28, 00-927 Warszawa, Poland

² Laboratory of Palaeogenetics and Conservation Genetics, Centre of New Technologies, University of Warsaw, S. Banacha 2c, 02-079, Warszawa, Poland

³ Institute of Geological Sciences, Polish Academy of Sciences, Twarda 51/55, 00-818 Warszawa, Poland

⁴ Institute of Archaeology, Faculty of History, Nicolaus Copernicus University in Toruń, Szosa Bydgoska 44/48, 87-100, Toruń, Poland

Perspektywiczna Cave is located in the Udorka Valley, southern Poland, within the middle part of the Kraków-Częstochowa Upland. It is comprised of two chambers and a gallery, with two entrances situated at elevations of 340 m and 345 m above sea level.

The cave's sequence includes an early MIS 3 (~50–34 ka cal BP) hyena den deposit (C3) in the upper chamber, overlain by disturbed Holocene sediments. In the lower chamber, Late Glacial and Holocene layers contain sandy loam lenses (7c, 4a) from colluvial re-deposition of the upper chamber's den, reflecting post-MIS 3 erosion and later infill¹.

The small vertebrate remains from Perspektywiczna Cave are relatively abundant and provide valuable insights into the processes of accumulation and preservation, as well as into the paleoenvironmental and paleoclimatic conditions during the deposition of the layers. The assemblage was primarily accumulated by birds of prey. In particular, layers 7c and C3 exhibit similar digestion patterns, consistent with Category 3/4 predators (which include diurnal birds of prey²), while layer 9a was likely formed predominantly by nocturnal birds of prey (Category 3 predators).

The skeletal representation of the small mammal assemblage is generally poor. This ranges from the complete absence of small elements such as astragali and calcanei, to less than 30% representation of larger skeletal elements. Molars, typically the best-preserved elements in such assemblages, show a representation of only 17% to 25%. Skeletal loss is common among small mammals and is influenced by multiple factors, including predation, biostratigraphic and post-depositional processes such as weathering and trampling, as well as biases introduced during field sampling. At Perspektywiczna Cave, post-depositional processes in particular may have played a significant role in shaping the final composition of the assemblage.

The assemblages from the Upper Pleistocene layers (C3, 7c, and 9a) are dominated by typical small mammals commonly found in many sequences related to this age of the Kraków-Częstochowa Upland^{3,4}. These include the voles *Stenocranius anglicus* and *Alexandromys oeconomus*, as well as the lemmings *Dicrostonyx torquatus* and *Lemmus lemmus*. In contrast, the Holocene related layer 8 is dominated by *Arvicola amphibius* and *Microtus agrestis*, with the additional presence of *Apodemus* gr. *sylvaticus-flavicollis*.

Environmental and climatic data suggest that layers C3, 7c, and 9a were deposited under colder and more arid conditions than today. The most severe periglacial conditions, characteristic of Marine Isotope Stage (MIS) 2, are recorded in layer 9a, as indicated by the high abundance of *Dicrostonyx torquatus* and *Stenocranius anglicus*. During the deposition of the cave hyena layer (C3), the area surrounding the cave was dominated by grassland and tundra environments, with only sparse patches of forested vegetation.

Considering the chronology and formation processes of layer 7c, it appears that the recorded abundance of *Dicrostonyx torquatus* is likely overestimated for this period. This interpretation is supported by genetic data from the same layer, which reveal ancient DNA of *Stenocranius anglicus*, *Alexandromys oeconomus*, and *Microtus arvalis* with chronological estimates consistent with the radiocarbon dating of the layer. In contrast, the phylogenetic placement of *D. torquatus* corresponds to clade 5, which is associated with MIS 2 populations, when assemblages with high abundances of this species are typically recorded. Moreover, correspondence analysis comparing the Perspektywiczna Cave assemblages with other key small mammal sequences from Poland shows that the assemblages from this site group within the Late Pleistocene cluster. Specifically, layer 7c closely clusters with the Komarowa Cave layer Z assemblage⁵, which has been attributed to MIS 3 and consists of loams interbedded with sandy deposits assigned to MIS 2. Based on these data, it is likely that the assemblage from layer 7c represents a mixture of materials from the underlying Late Glacial layer 9a and the older cave hyena deposit of layer C3.

These findings confirm the complex depositional history of Perspektywiczna Cave, where in-situ deposits, such as the MIS 3 hyena den layer C3, coexist with assemblages like 7c that contain material from different periods. This overlap of original and later-introduced sediments points to the influence of depositional events and post-depositional processes, and highlights the value of combining sedimentological, taphonomic, and genetic approaches in reconstructing Late Pleistocene environments.

References:

1. Krajcarz, M. T. *et al.* New insights into late Pleistocene cave hyena chronology and population history—the case of Perspektywiczna Cave, Poland. *Radiocarbon* 1–19 (2023) doi:10.1017/RDC.2023.89.
2. Andrews, P. *Owls, Caves and Fossils. Predation, Preservation and Accumulation of Small Mammals Bones in Caves, with an Analysis of the Pleistocene Cave Faunas from Westbury-Sub-Mendip, Somerset, UK.* (Natural History Museum, London, 1990).
3. Berto, C. *et al.* Small vertebrate and mollusc community response to the latest Pleistocene-Holocene environment and climate changes in the Kraków-Częstochowa Upland (Poland, Central Europe). *Quaternary International* 633, 6–25 (2022).
4. Nadachowski, A. Origin and history of the present rodent fauna in Poland based on fossil evidence. *Acta Theriol (Warsz)* 34, 37–53 (1989).
5. Nadachowski, A. *et al.* *Late Pleistocene Environment of the Częstochowa Upland (Poland) Reconstructed on the Basis of Faunistic Evidence from Archaeological Cave Sites.* (Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Kraków, 2009).

Phylogenetic insights into the evolutionary history of Rhinocerotidae under climatic changes

Antonio Borrani¹, Paweł Mackiewicz², Oleksandr Kovalchuk^{3,4,5}, Zoltán Barkaszi^{3,6}, Chiara Capalbo⁷, Anastasiia Dubikovska^{5,8}, Urszula Ratajczak-Skrzatek⁴, Maxim Sinitsa⁹, Krzysztof Stefaniak⁴ and Paul P.A. Mazza⁷

¹ Soprintendenza Archeologia, Belle Arti e Paesaggio per le Province di Frosinone e Latina, Italy

² Faculty of Biotechnology, University of Wrocław, Poland

³ National Museum of Natural History, National Academy of Sciences of Ukraine

⁴ Faculty of Biological Sciences, University of Wrocław, Poland

⁵ A.S. Makarenko Sumy State Pedagogical University

⁶ John von Neumann University

⁷ Department of Earth Sciences, University of Florence, Italy

⁸ I.I. Schmalhausen Institute of Zoology, National Academy of Sciences of Ukraine

⁹ Università Roma Tre

The family Rhinocerotidae has a complex and often debated phylogeny, with a fossil record extending over 50 million years. This study provides the most comprehensive total-evidence phylogenetic analysis of the group to date, combining morphological, molecular, fossil, and paleoclimatic data within maximum parsimony, maximum likelihood, Bayesian, and time-calibrated frameworks. A dataset of 106 taxa and 534 morphological characters—including 11 newly defined—was assembled following a systematic revision of previously ambiguous traits. Unlike earlier studies, a fossil-based outgroup was used instead of extant *Tapirus* to refine character polarity and minimize topological artifacts arising from distant outgroup selection. The resulting cladograms resolve several longstanding conflicts in rhinocerotid systematics and support numerous well-defined clades. Macroevolutionary analyses reveal a strong association between lineage diversification and climatic thresholds, highlighting the role of environmental shifts in driving ecological turnover and selective trait persistence. By applying an integrative total-evidence framework, this study not only refines rhinocerotid phylogeny but also emphasizes the importance of climatic and ecological filters in shaping megafaunal evolution. The methodological approach presented here serves as a comparative model for both extinct and extant lineages, reinforcing the value of rigorous cladistic methods in paleobiology and systematics.

Schronisko w Smoleniu III – nowe dane izotopowe

Izabela Cabała¹, Maciej T. Krajcarz², Marcin Szymanek³

¹ Uniwersytet Warszawski, Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych

² Instytut Nauk Geologicznych Polskiej Akademii Nauk

³ Uniwersytet Warszawski, Wydział Geologii

Schronisko w Smoleniu III jest zlokalizowane na Wyżynie Krakowsko-Częstochowskiej. Zostało przebadane wykopaliskowo w latach 2012-2013 podczas prac archeologicznych i stanowi wyjątkowy obiekt badawczy, obejmujący prawie 2-metrową sekwencję osadów klastycznych datowanych na schyłek plejstocenu po holocen. Osady te są bogate w szczątki fauny, w tym liczne kości drobnych gryzoni, nietoperzy oraz muszle ślimaków, będące przedmiotem najnowszych analiz. Dodatkowo, na stanowisku przeprowadzono analizę geochemiczną osadów, datowania radiowęglowe oraz szczegółowe analizy archeologiczne. Tak szeroki zakres badań pozwolił na opracowanie rekonstrukcji paleoklimatycznych i paleośrodowiskowych.

W ramach obecnego etapu badań, wykonano analizę stabilnych izotopów tlenu ($\delta^{18}\text{O}$) i węgla ($\delta^{13}\text{C}$) w muszlach wybranych gatunków ślimaków lądowych. Metoda ta powszechnie wykorzystywana w rekonstrukcjach paleoklimatycznych, po raz pierwszy została zastosowana w stanowisku zlokalizowanym w Europie Środkowej. Do badań wybrano pięć gatunków: *Laciniaria plicata*, *Isognomostoma isognomostomos*, *Discus ruderratus*, *Gonyodiscus rotundatus* oraz *Vallonia tenuilabris*. Łącznie wykonano ponad 280 pomiarów stabilnych izotopów tlenu i węgla, które pozwoliły na wykreślenie krzywych $\delta^{18}\text{O}$ i $\delta^{13}\text{C}$. Wartości $\delta^{18}\text{O}$ pozwalają prześledzić zmiany wilgotności, podczas gdy wartości $\delta^{13}\text{C}$ dostarczają informacji o typie i zwarcie pokrywy roślinnej.

Dobrze udokumentowany profil ze Schroniska w Smoleniu III, w połączeniu z danymi z sąsiednich stanowisk jaskiniowych, umożliwia wieloaspektową interpretację wyników. Pozwala to na szczegółową rekonstrukcję zmian środowiskowo-klimatycznych u schyłku plejstocenu i w holocenie, dostarczając nowych informacji o dynamice środowiska Wyżyny Krakowsko-Częstochowskiej w ciągu ostatnich kilkunastu tysięcy lat.

Analiza filogenetyczna norników darniowych z wykorzystaniem kopalnego DNA w celu wyjaśnienia taksonomii i ujawnienia reakcji na zmiany klimatu w przeszłości ~założenia projektu PRELUDIUM 2024

Gabriela Damentka¹, Claudio Berto¹, Grégory Abrams^{2,3}, Kevin Di Modica³, Lutz Maul⁴, Mateusz Baca¹

¹ Uniwersytet Warszawski, Centrum Nowych Technologii, Warszawa, Polska

² ArcheOs, Research Laboratory for Biological Anthropology, Ghent Archaeological Sciences Centre, Department of Archaeology, Ghent University, 9000 Ghent, Belgium

³ Scladina Cave Archaeological Centre, Espace muséal d'Andenne, 5300 Andenne, Belgium

⁴ Senckenberg Research Station of Quaternary Palaeontology, Weimar, Germany

Późny Plejstocen charakteryzował się gwałtownymi i nagłymi zmianami klimatycznymi, obejmującymi naprzemienne okresy stadialne i interstadialne. Zmiany te silnie wpływały na dynamikę populacji wielu gatunków zwierząt, w tym małych ssaków. Cykl zmian klimatycznych i powiązane z nimi przeobrażenia środowiskowe zmuszały gatunki do migracji, kolonizacji nowych terenów lub wymierania na danych obszarach, co miało wpływ także na ich różnorodność genetyczną.

Norniki stanowią doskonały model do badania wpływu zmian klimatycznych na populację, ponieważ są liczne i szybko się rozmnażają, mają wąskie nisze ekologiczne, dzięki czemu szybko reagują na zmiany środowiskowe, a ich szczątki często znajdują się w stanowiskach paleontologicznych.

Projekt ma na celu odtworzenie wybranych aspektów historii ewolucyjnej norników z podrodzaju *Terricola* (rodzaj *Microtus*) w Europie Południowej, od późnego Plejstocenu po wczesny Holocen, z wykorzystaniem analiz DNA pozyskanego zarówno z prób kopalnych, jak i współczesnych. Badania tego typu na innych gatunkach norników z Europy Środkowej i Zachodniej, takimi jak nornik zwyczajny (*Microtus arvalis*) czy obroźnik tundrowy (*Dicrostonyx torquatus*), ujawniły dużą dynamikę populacyjną w odpowiedzi na zmiany środowiskowe w ciągu ostatnich 50 tysięcy lat. W niniejszym projekcie sprawdzimy, czy podobne zjawiska dotyczyły również norników w południowej części kontynentu, gdzie wahania klimatu i środowiska były łagodniejsze.

Wstępne analiza sekwencji cytochromu *b* mitochondrialnego DNA dziewięciu okazów, wskazała, że niektóre próby pochodzące ze stanowisk w Europie Centralnej i Zachodniej zostały sklasyfikowane jako *Microtus (Terricola) bavaricus*, którego obecny zasięg ogranicza się od Chorwacji do Południowych Niemiec. Wskazuje to na istotny wpływ późno plejstoceńskich zmian klimatu na rozmieszczenie niektórych gatunków norników darniowych.

Zmienność genetyczną eurazjatyckich karczowników (*Arvicola* sp.) ukształtował niedawny przepływ genów

Aleksandra Deroń¹, Barbara Bujalska¹, Ahmad Mahmoudi², Boris Krystufek^{3,4}, Armando Nappi⁵, Aleksander Bukhnikashvili⁶, Claudio Berto⁷, Adam Nadachowski⁸, Mateusz Baca¹

¹ Centre of New Technologies, University of Warsaw, Warsaw, Poland

² Department of Biology, Faculty of Science, Urmia University, Urmia, Iran

³ Slovenian Museum of Natural History, Ljubljana, Slovenia

⁴ Science and Research Centre, Koper, Slovenia

⁵ Museo Civico di Storia Naturale, Morbegno, Italy

⁶ Institute of Zoology, Ilia State University, Tbilisi, Georgia

⁷ Faculty of Archeology, University of Warsaw, Warsaw, Poland

⁸ Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland

Karczowniki (*Arvicola* sp.) to relatywnie duże gryzonie z rodziny Arvicolinae występujące w prawie całej Palearktyce. Dotychczasowe badania morfologiczne i analizy mitochondrialnego DNA pozwoliły wyróżnić co najmniej pięć gatunków: karczownika zachodniego (*A. sapidus*), włoskiego (*A. italicus*), perskiego (*A. persicus*), ziemnowodnego (*A. amphibius*) oraz górskiego (*A. manticola*).

Sprawdzając DNA okazów z holocenów z warstw jaskini Dzudzuana w Gruzji natrafiliśmy na karczownika należącego do nieznanej wcześniej linii ewolucyjnej mitochondrialnego DNA. Aby dokładnie scharakteryzować jej relacje z innymi liniami, odczytaliśmy genomy mitochondrialne 66 współczesnych okazów z Gruzji, Iranu, Rosji, Turcji, Serbii, Bośni i Hercegowiny, Włoch, Rumunii, Słowenii, Polski, Austrii oraz Portugalii. Aby przeprowadzić kalibrację drzewa filogenetycznego zsekwenkowaliśmy też genomy mtDNA czterech okazów kopalnych, które jednocześnie były bezpośrednio datowane radiowęglowo. Uzyskane drzewo filogenetyczne miało topologię podobną do wcześniejszych rekonstrukcji opartych na krótszych fragmentach mtDNA. Zaobserwowaliśmy linie mitochondrialne odpowiadające znanym wcześniej gatunkom. Sekwencje okazów z Gruzji tworzyły nową linię mtDNA siostrzaną względem *A. persicus*. Oszacowane czasy dywergencji były wyraźnie młodsze niż sugerowały wcześniejsze analizy oparte na kalibracji zewnętrznej. Rozdzielenie linii obejmującej *A. persicus* i nową linię gruzińską od pozostałych linii eurazjatyckich oszacowaliśmy na nieco ponad 500 tysięcy lat temu, prawie 2 miliony lat później niż wskazywały wcześniejsze analizy. Dla porównania, czas dywergencji szympanów i ludzi szacowany jest na 5 do 8 milionów lat temu. Uwzględniając co najmniej 20-krotnie krótszą długość pokolenia karczowników w porównaniu z ludźmi, szacunki dywergencji linii karczowników rzędu 2,5 miliona lat odpowiadałyby dziesiątkom milionów lat w ludzkiej skali. Z tego względu uważamy, że uzyskane tu dużo młodsze czasy dywergencji są bardziej realistyczne.

Dla pięciu okazów, po jednym z każdej z głównych linii mtDNA, zsekwenkowaliśmy genomy do wysokiego pokrycia (>20×) a dla kolejnych 21 okazów z różnych lokalizacji do niskiego pokrycia w granicach 0,99 – 16×. Pozwoliło to precyzyjnie zrekonstruować relacje pomiędzy poszczególnymi gatunkami i populacjami karczowników. Obraz uzyskany na podstawie analizy genomów jądrowych różnił się wyraźnie od wyników analiz mitochondrialnych. Analiza dystansów genetycznych pozwoliła wyróżnić cztery główne grupy: pierwsza obejmowała wszystkie okazy z Europy Centralnej i Syberii, druga okazy z Iranu, Gruzji i Turcji. Trzecia i czwarta odpowiadały karczownikom zachodnim i włoskim. Sugeruje to, niedawny kontakt i mieszanie się populacji należących do różnych linii mitochondrialnych występujących w sąsiadujących ze sobą regionach.

Genomy jądrowe o wysokim pokryciu umożliwiły rekonstrukcję zmian efektywnej wielkości populacji w czasie. Analiza ta wykazała, że większość populacji karczowników osiągnęła największe rozmiary w okresie ostatniego zlodowacenia, koło 50 do 30 tysięcy lat temu. Możliwe więc, że właśnie wtedy doszło do kontaktu i mieszania się populacji. Wyjątek stanowiły karczowniki ziemnowodne, których efektywna wielkość populacji spadła we wspomnianym okresie. Podobne zróżnicowanie demograficzne między populacjami północnymi a południowymi zaobserwowaliśmy wcześniej w badaniach innych gryzoni, m.in. norników altajskich (*Microtus obscurus*) oraz spokrewnionych gatunków norników borych (*Microtus agrestis* i *Microtus rozianus*). Populacje północne i południowe wykazywały odmienne historie demograficzne, co najprawdopodobniej wynikało z różnic w warunkach środowiskowych panujących na wyższych (Europa Środkowa i Wschodnia) oraz niższych szerokościach geograficznych (Bliski Wschód, Portugalia).

Historia Bałtów z obszaru dzisiejszej północno-wschodniej Polski w epoce żelaza i średniowieczu

Michał Golubiński¹, Łukasz Maurycy Stanaszek², Martyna Molak¹, Monika Patrzyk³, Mateusz Baca¹

¹ Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski, Polska

² Państwowe Muzeum Archeologiczne w Warszawie, Polska

³ Muzeum i Instytut Zoologii, Polska Akademia Nauk

Bałtowie zamieszkiwali obszar dzisiejszej północno-wschodniej Polski co najmniej od wczesnej epoki żelaza. W czasie późniejszych zawirowań demograficznych w Europie zapoczątkowanych inwazją Hunów w 375 r. n.e. intensywny udział w tych migracjach brały społeczności kultury wielbarskiej oraz przeworskiej, które zamieszkały obszary sąsiednie. Dane archeologiczne jak i palinologiczne sugerują, że Bałtowie w tym czasie utrzymywali ciągłość osadnictwa, a pod koniec epoki żelaza nawet rozszerzyli jego zasięgi. W następnych dziesięcioleciach niemal na całym obszarze weszli w sąsiedztwo z przybywającymi ze wschodu Słowianami. Punktem zwrotnym był XIII wiek i podbój ziem zachodnich Bałtów przez Zakon Krzyżacki, który wiązał się z głębokimi zmianami demograficznymi, choć ich rzeczywista skala pozostaje niepewna.

Celem projektu jest odpowiedź na pytania:

1. Jak kształtowała się struktura genetyczna zachodnich Bałtów na przestrzeni od epoki żelaza po nowożytność?
2. Czy u schyłku epoki żelaza i wczesnym średniowieczu zaszły wykrywalne zmiany genetyczne i procesy asymilacyjne społeczności Restgermanów z kultury wielbarskiej i przeworskiej?
3. Jaki był wpływ podboju krzyżackiego na strukturę genetyczną społeczności Prusów?
4. Jaki jest udział komponentu zachodniobałtyjskiego w puli genetycznej współczesnych Polaków?

Do badań zostanie wykorzystany materiał kostny od ponad 130 osobników pochowanych na cmentarzyskach Bałtów z epoki żelaza, wczesnego i pełnego średniowiecza oraz nowożytności. Próbkę zostaną wstępnie sprawdzone pod kątem stanu zachowania kopalnego DNA, a dla osobników u których poziom endogennego DNA przekroczy 1% zostanie przeprowadzone ukierunkowane wzbogacanie panelem Expert Human Affinities Prime Plus, który obejmuje zestaw 1240k SNP-ów genomowych, co pozwoli na przeprowadzenie kompleksowych analiz populacyjnych mających na celu określenia pochodzenia badanych osobników jak również udziału poszczególnych domieszek, haplogrup chromosomu Y, mtDNA oraz relacji pokrewieństwa i zmian w czasie.

Wstępne wyniki pokazują, że dzieje Bałtów są bardziej złożone, niż zakładano. Najstarszych osobników bałtyjskich udało się zidentyfikować w obrębie grupy masłomęckiej (gocki krąg kulturowy), co sugeruje udział grup bałtyjskich w ruchach migracyjnych związanych z Gotami w okresie wpływów rzymskich. Analizy materiałów z wczesnego średniowiecza sugerują ponadto, że strefy pogranicza nie stanowiły sztywnej bariery między osadnictwem słowiańskim i bałtyjskim, lecz raczej obszar intensywnych kontaktów i mieszania obu społeczności.

Badania są częścią projektu " Historia Bałtów z obszaru dzisiejszej północno-wschodniej Polski w epoce żelaza i średniowieczu na podstawie analiz kopalnego DNA" (2024/53/N/HS3/02353) finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki.

Plejstocenyjskie konie Europy Środkowej: nowe dane dotyczące zmienności i biostratygrafii rodzaju *Equus* Linnaeus, 1758

Karol Karbowski^{1*}, Urszula Ratajczak-Skrzatek¹, Krzysztof Stefaniak¹

¹ Zakład Paleozoologii, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław, Polska

*karol.karbowski@uwr.edu.pl

Badania nad populacjami plejstocenyjskich koniowatych z rodzaju *Equus* Linnaeus, 1758 w ostatnich dekadach znacząco poszerzyły naszą wiedzę na temat ich morfologicznych i ekologicznych form w odpowiedzi na zmiany środowiskowe (Van Asperen 2010; Boulbes & van Asperen 2019). Większość tych analiz koncentrowało się na Europie Zachodniej i Południowej (Van Asperen 2012; Cirilli i in. 2021; Uzunidis i in. 2024), podczas gdy dane dotyczące Europy Środkowej pozostają nadal fragmentaryczne. Materiał kopalny z tego regionu był badany jedynie częściowo i przedstawiany głównie w formie łącznej sumy szczątków, co wskazuje, że jest to obszar w dużej mierze słabo rozpoznany pod kątem zróżnicowania koni. Celem niniejszego badania jest szczegółowe przedstawienie różnorodności morfometrycznej i taksonomicznej koni plejstocenyjskich z tej części Europy oraz zaproponowanie wstępnej regionalnej biochronologii w kontekście biostratygraficznym. Przeanalizowano szczątki koniowatych pochodzące z plejstocenyjskich stanowisk Polski, Czech, Austrii, Węgier i Słowenii. Zbiór obejmuje ponad 2500 elementów czaszkowych i postkranialnych, zachowanych w różnym stopniu, które poddano szczegółowym pomiarom osteometrycznym. Identyfikację przeprowadzono zgodnie z dotychczasową literaturą na temat różnic morfologicznych oraz cech pozwalających odróżnić linie stenoidalne i kabaloidalne koni (Eisenmann 1986; Boulbes & van Asperen 2019). W toku badań wyróżniono trzy szerzej akceptowane gatunki koniowatych: *Equus ferus* Boddaert, 1785, *Equus hydruntinus* Regalia, 1907 oraz *Equus suessenbornensis* Wüst, 1900. Wstępne wyniki ujawniają wyraźne zróżnicowanie przestrzenne i czasowe populacji koniowatych, podkreślając ich potencjał jako wskaźników biostratygraficznych. Dodatkowo zgromadzony materiał stanowi cenną podstawę do opracowania regionalnej biochronologii oraz do dalszych badań nad dynamiką zmian paleoekologicznych rodzaju *Equus* w Europie Środkowej.

Finansowanie: Badania zostały sfinansowane w ramach umowy nr 6/2025, realizowanej w programie PROM – Międzynarodowa Wymiana Akademicka, zawartej z Narodową Agencją Wymiany Akademickiej (NAWA). Dodatkowe wsparcie zapewnił Grant Młodego Badacza 2023–2025 (IV edycja) w ramach umowy BPIDUB.4610.62.2025, przyznany w programie „Inicjatywa Doskonałości – Uczelnia Badawcza” Uniwersytetu Wrocławskiego. Tytuł projektu: *Analiza morfometryczna plejstocenyjskich szczątków koniowatych (rodzaj Equus) z Europy Środkowej*.

Literatura:

- Boulbes, N., Van Asperen, E.N., 2019. Biostratigraphy and palaeoecology of European *Equus*. *Front. Ecol. Evol.* 7, 301.
- Cirilli, O., Saarinen, J., Pandolfi, L., Rook, L., Bernor, R.L., 2021. An updated review on *Equus stenonis* (Mammalia, Perissodactyla): New implications for the European Early Pleistocene *Equus* taxonomy and paleoecology, and remarks on the Old World *Equus* evolution. *Quat. Sci. Rev.* 269, 107155.
- Eisenmann, V., 1986. Comparative osteology of modern and fossil horses, zebras, and asses. In: *Equids in Time and Space*. Drukkerij GRAFEMA, Leiden, pp. 67–116.
- Uzunidis, A., Sanz, M., Daura, J., 2024. Sub-speciation processes of equids in the Iberian Peninsula: Ecological strategies and refuge areas. *Quat. Sci. Rev.* 325, 108473.
- Van Asperen, E.N., 2010. Ecomorphological adaptations to climate and substrate in late Middle Pleistocene caballoid horses. *Palaeogeogr. Palaeoclimatol. Palaeoecol.* 297, 584–596.

Does climate change has to change anything? Younger Dryas impact on Western Carpathian populations of the Short-tailed Field Vole (*Microtus agrestis*) / Czy zmiana klimatu musi coś zmieniać? Wpływ młodszego dryasu na zachodniokarpackie populacje nornika burego (*Microtus agrestis*)

Alicja Anna Kaźmierkiewicz¹, Mateusz Baca¹

¹ Laboratorium Paleogenetyki i Genetyki Konserwatorskiej, CeNT, UW

The Younger Dryas (YD; 12.5–11.7 ka BP) was a period of abrupt climate cooling that had profound effects on the distribution and demography of many Eurasian animal species. While several Late Pleistocene mammals went extinct or suffered severe population declines, the field vole is known to have persisted through these climatic oscillations. In this study, we combine ancient and modern genomic data to investigate whether the field vole populations were affected by the Younger Dryas in the Western Carpathians. We analyzed 10 modern and 10 ancient low- to medium- coverage nuclear genomes, as well as 13 new mitochondrial genomes superimposed on larger, previously published dataset. Using coalescent-based demographic reconstructions (BEAST Skyline plots, fastsimcoal2), we evaluated effective population size changes in relation to the YD. Our study seeks to clarify whether *M. agrestis* underwent a significant population decline during the Younger Dryas, or whether it was buffered from its effects by ecological or behavioral plasticity. Will these findings indicate a surprising resilience of *M. agrestis* to abrupt climate change, distinguishing it from other small mammals of the period?

PL

Młodszy dryas (12,5–11,7 tys. lat temu) był okresem gwałtownego ochłodzenia klimatu, który miał głęboki wpływ na rozmieszczenie i dynamikę populacji wielu gatunków zwierząt Eurazji. Podczas gdy liczne gatunki ssaków wyginęły lub doświadczyły poważnych spadków liczebności, nornik burey przetrwał te wahania klimatyczne. W niniejszym badaniu łączymy dane genetyczne ze współczesnych i kopalnych osobników, aby zweryfikować, czy populacje nornika burego zostały dotknięte skutkami młodszego dryasu w Karpatach Zachodnich. Wygenerowaliśmy 10 współczesnych i 10 kopalnych genomów jądrowych o niskim i średnim pokryciu, a także 13 nowych genomów mitochondrialnych, włączonych do większego, wcześniej publikowanego zbioru danych. Korzystając z rekonstrukcji demograficznych opartych na modelach koalescencyjnych (metoda Skyline w BEAST, fastsimcoal2), oceniliśmy zmiany efektywnej wielkości populacji w odniesieniu do młodszego dryasu. Nasze badanie mają na celu wyjaśnienie, czy *Microtus agrestis* doświadczył znaczącego spadku liczebności podczas tego okresu, czy też uchronił się przed jego skutkami dzięki plastyczności ekologicznej lub behawioralnej. Czy nasze wyniki mogą wskazywać na zaskakującą odporność *M. agrestis* na nagłe zmiany klimatu, co odróżnia go od innych małych ssaków tego okresu?

Gatunki uchodźcy to gatunki, które nie mają dostępu do środowisk optymalnych, ale są ograniczone do środowisk nieoptymalnych, głównie z powodu presji człowieka, co skutkuje zmniejszeniem ich dostosowania i zagęszczeń populacji oraz związanym z tym ryzykiem przetrwania. Koncepcja ta została opracowana na przykładzie żubra (*Bison bonasus*) – największego lądowego ssaka Europy – który jest przystosowany do siedlisk otwartych lub mieszanych, ale od kilku tysięcy lat jego występowanie było ograniczone do środowisk leśnych, które nie zapewniają pokarmu dla tak dużego roślinożercy w ciągu całego roku (Kerley i in. 2012). Po wytopieniu na wolności na początku XX wieku, populacje żubrów były też odtwarzane w lasach, na bazie osobników ocalałych w niewoli. Ochrona populacji lub gatunków w nieodpowiednich środowiskach jest problematyczna, często nieskuteczna i kosztowna. Gatunki uchodźcy mogą być trudne do wykrycia z powodu braku informacji na temat ich dostosowania i użytkowania środowisk w czasach historycznych. Od opublikowania koncepcji gatunku uchodźcy identyfikowana jest coraz większa liczba takich gatunków (Kerley i in. 2020). Pomocne są w tym badania paleoekologiczne, w szczególności analizy stabilnych izotopów, które pozwalają na poznanie wzorca użytkowania środowisk i diety zwierząt w czasach historycznych, przed narastającą presją człowieka (Han i in. 2019, Hofman-kamińska i in. 2019, Suraprasit i in. 2020). W przeszłości zjawisko to było prawdopodobnie powodem wyginięcia wielu gatunków. Problem ten występuje na wszystkich kontynentach i może dotyczyć nawet 13% żyjących ssaków (Britnell i in. 2023), głównie większych gatunków, a nawet symboli ochrony przyrody takich jak panda wielka (Han i in. 2019). Identyfikacja gatunków uchodźców, poznanie ich preferencji środowiskowych zanim stały się uchodźcami, oraz przywrócenie ich populacji do optymalnych środowisk jest kluczowe dla skutecznej ochrony. Znaczenie koncepcji gatunków uchodźców będzie rosło w obliczu postępujących zmian klimatycznych i środowiskowych.

Literatura:

- Britnell JA, Zhu Y, Kerley GIH, Shultz S. 2023. Ecological marginalization is widespread and increases extinction risk in mammals PNAS 120: e2205315120.
- Han H, Wei W, Hu Y, Nie Y, Ji X, Yan L, Zhang Z, Shi X, Zhu L, Luo Y, Chen W, Wei F. 2019. Diet evolution and habitat contraction of giant pandas via stable isotope analysis. Current Biology 29: 1–6.
- Hofman-Kamińska E, Bocherens H, Drucker DG, Fyfe RM, Gumiński W, Makowiecki D, Pacher M, Piličiauskienė G, Samojlik T, Woodbridge J, Kowalczyk R. 2019. Adapt or die—Response of large herbivores to environmental changes in Europe during the Holocene. Global Change Biology 25: 2915-2930.
- Kerley G I H, Beest M, Cromsigt J PGM, Pauly D, Shultz S. 2020. The protected area paradox and refugee species: The giant panda and baselines shifted towards conserving species in marginal habitats. Conservation in Science and Practice 2: e11.
- Kerley GIH., Kowalczyk R, Cromsigt JPGM. 2012. Conservation implications of the refugee species concept and the European bison: King of the forest or refugee in a marginal habitat? Ecography 35: 519–529.
- Suraprasit K, Jaeger J-J, Shoocongdej R, Chaimanee Y, Wattanapitaksakul A, Bocherens H. 2020. Long-term isotope evidence on the diet and habitat breadth of Pleistocene to Holocene Caprines in Thailand: Implications for the extirpation and conservation of Himalayan gorals. Frontiers in Ecology and Evolution 8: 67.

Sezon śmierci i dieta niedźwiedzia jaskiniowego (*Ursus ingressus*) z Jaskini Ciemnej (Wyżyna Krakowsko-Częstochowska) w świetle analiz cementochronologicznych i mikrostarcia szkliwa / The season of death and the diet of the cave bear (*Ursus ingressus*) from the Ciemna Cave (Krakow-Częstochowa Upland) in the context of cementochronological and microwear analyses

Nina Kowalik¹, Sylwia Pospuła¹, Iván Ramírez-Pedraza^{2,3}, Florent Rivals^{2,3,4}, Oliwia Oszczepalińska¹, Katarzyna Zarzecka-Szubińska⁵, Damian Stefański⁶ i Paweł Valde-Novak⁷

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, ul. Sławkowska 17, 31-016, Kraków, Poland

² Institut Català de Paleoecologia Humana i Evolució Social (IPHES-CERCA), Zona Educacional 4, Campus Sescelades URV (Edifici W3), 43007 Tarragona. Spain

³ Universitat Rovira i Virgili, Departament d'Història i Història de l'Art, Avinguda de Catalunya 35, 43002 Tarragona. Spain

⁴ ICREA, Pg. Lluís Companys 23, 08010 Barcelona, Spain

⁵ Department of Paleozoology, Wrocław University, Sienkiewicza 21, 50-335, Wrocław, Polska

⁶ Muzeum Archeologiczne w Krakowie, ul. Senacka 3, 31-002, Kraków, Polska

⁷ Instytut Archeologii, Uniwersytet Jagielloński, ul. Gołębia 11, 31-007, Kraków, Poland

Wyżyna Krakowsko-Częstochowska jest znana z licznych znalezisk szczątków niedźwiedzia jaskiniowego (*Ursus ingressus*), jednego z najważniejszych przedstawicieli plejstocenijskiej fauny. Obszar ten stanowił odpowiednią niszę ekologiczną dla tego dużego ssaka, co uzasadnia wybór jednego z najlepiej przebadanych stanowisk w regionie - Jaskini Ciemnej - jako źródła materiału badawczego w niniejszym projekcie. Szczątki drapieżników są najliczniejsze wśród materiałów paleontologicznych z tego stanowiska, natomiast niedźwiedź jaskiniowy jest gatunkiem reprezentowanym przez największą liczbę osobników. Celem projektu było zbadanie sezonu śmierci oraz diety niedźwiedzia jaskiniowego. Materiał badawczy stanowiły pierwsze dolne zęby trzonowe pochodzące z warstw datowanych na MIS 5 - MIS 2, co umożliwiło prześledzenie zmian analizowanych aspektów ekologii w czasie. Analiza warstw cementu pozwoliła na weryfikację hipotezy, zgodnie z którą śmierć zwierząt miała miejsce podczas hibernacji. Jasne i szerokie warstwy cementu formują się w okresach wysokiej dostępności pożywienia (lato), natomiast ciemne i cienkie - w okresach niedoboru pokarmu lub hibernacji (zima). Badania mikroskopowe laminacji cementu ujawniły obecność od dwóch

do trzynastu warstw, liczba lamin koreluje się ze stopniem zużycia korony zęba. Pomimo że niektóre z analizowanych zębów wykazują ślady zmian *post mortem*, zaobserwowano iż śmierć badanych osobników nastąpiła po zakończeniu sezonu wegetacyjnego lub w trakcie hibernacji. Analiza mikroskopowa mikrostarcia szkliwa jest stosowana do rekonstrukcji diety zwierzęcia w ostatnich tygodniach - a nawet dniach - życia (tzw. „efekt ostatniej wieczerzy”). Metoda ta wykazała dominację roślinności w diecie niedźwiedzi pochodzących z warstw MIS 5 do MIS 3. Dodatkowo, w dwóch okazach z warstw MIS 5 zaobserwowano ślady wskazujące na spożycie twardych pokarmów, takich

jak nasiona lub owoce. Natomiast w najmłodszym z badanych okazów, datowanym na MIS 2, stwierdzono mniejszą liczbę rys w porównaniu do pozostałych osobników, co sugeruje ograniczone spożycie traw oraz udział kręgowców w diecie. Zmiana ta prawdopodobnie wynika z mniej sprzyjających warunków środowiskowych.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w Polsce w ramach grantu nr: DEC-2024/08/x/ST10/00941.

Strategie łowieckie i mobilność fok w Epoce Brązu na południowo-wschodnim wybrzeżu Bałtyku / Hunting strategies and seal mobility during the Bronze Age on the Southeastern Baltic Coast

Nina Kowalik¹, Piotr Wojtal¹, Lembi Lõugas^{2, 3}, Sylwia Pospuła¹, Natalia Sawka-Gądek¹, Joanna Religa-Sobczyk¹ i Olgierd Felczak⁴

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polskiej Akademii Nauk, Kraków

² Archaeological Research Collection, Tallinn University, Tallinn, Estonia

³ Department of Zoology, Institute of Ecology and Earth Sciences, University of Tartu, Tartu, Estonia

⁴ Muzeum Archeologiczne w Gdańsku, Gdańsk, Poland

Bogactwo znalezisk archeologicznych na południowo-wschodnich wybrzeżach Bałtyku świadczy o prowadzeniu przez ludzi osiedlających się w tym regionie intensywnego życia społeczno-gospodarczego. Rekonstrukcja stosowanych przez nich strategii łowieckich pozwala lepiej zrozumieć, w jaki sposób w epoce brązu wykorzystywały dostępne zasoby naturalne. Materiał badawczy w naszym projekcie pochodził z trzech stanowisk archeologicznych: Asva i Ridala (Estonia) oraz Rzucewo (Polska). Społeczności te zajmowały się przede wszystkim hodowlą zwierząt, ale również specjalizowały się w polowaniach na foki. Świadczą o tym znalezione podczas prac archeologicznych liczne szczątki kostne zarówno zwierząt domowych jak i różnych gatunków fok. Mięso tych wodnych drapieżników, bogate w witaminy i składniki odżywcze, stanowiło cenny zasób dla ludności zamieszkującej wybrzeże Morza Bałtyckiego, który mogły być również przedmiotem handlu.

W celu zbadania strategii łowieckich społeczności ze stanowisk estońskich (Asva, Ridala) i polskich (Rzucewo) zastosowano analizę składu izotopowego strontu ($^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$) w zębach fok oraz określenie sezonu śmierci tych zwierząt w oparciu o badania warstw przyrostu cementu w ich zębach. Analizy antycznego DNA (aDNA) posłużyły do określenia przynależności gatunkowej badanego materiału. Zmienność stosunku $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ w szkliwie zębów umożliwiła odtworzenie mobilności fok, na które polowali ludzie ze stanowisk estońskich i polskich. Wyniki badań izotopowych ujawniły wysoką mobilność fok, których szczątki zostały znalezione na estońskiej wyspie Saaremaa. Prawdopodobnie w poszukiwaniu pożywienia drapieżniki przemierzały różne rejony basenu Morza Bałtyckiego. Natomiast foki z Rzucewa charakteryzowały się mniejszym zróżnicowaniem wartości $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$, co sugeruje bardziej lokalny zasięg ich występowania i mniejszą mobilność. Może to również wskazywać na lokalne żerowanie tych drapieżników spowodowane obfitością zasobów, które były atrakcyjne zarówno dla zwierząt, jak i dla ludzi, decydujących się na ustanowienie osady w tej lokalizacji.

Analiza warstw cementu zębów fok wykazała, że większość osobników została zabita latem i pod jego koniec, co odpowiada optymalnemu sezonowi pozyskiwania tłuszczu i mięsa tych zwierząt. Badania zooarcheologiczne szczątków kostnych ujawniły również, że foki dostarczały nie tylko pożywienia, ale również skór. Dominacja osobników dojrzałych wśród badanych osobników wskazuje, że polowania zapewniały społecznościom ludzkim znaczną ilość zasobów kluczowych dla przetrwania. Uzyskane wyniki dostarczyły nowych danych na temat ekologii fok w czasach preindustrialnych oraz pozwoliły lepiej zrozumieć strategie eksploatacji zasobów morskich przez społeczności epoki brązu.

Prowadzone badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach grantu nr 2019/35/B/HS3/01441. Dziękujemy za wsparcie finansowe badań składu izotopowego strontu ($^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$) w zębach fok ze strony The Swedish Research Council, Vegacenter grant nr: 173. Analizy aDNA zostały wsparte środkami z działalności statutowej ISEZ PAN.

Dietary strategies in medieval urban cat populations through bulk and amino acid compound specific stable isotope analysis in bone collagen

Magdalena Krajcarz¹, Kyungcheol Choy², Daniel Makowiecki¹, Wim Van Neer^{3,4}, Hee Young Yun⁵, Maciej T. Krajcarz⁶

¹ Institute of Archaeology, Nicolaus Copernicus University in Toruń, Toruń, Poland

² Archaeological Science Laboratory, Department of Anthropology, Hanyang University ERICA, Ansan, South Korea

³ Operational Directorate Earth and History of Life, Royal Belgian Institute of Natural Sciences, Brussels, Belgium

⁴ Laboratory of Biodiversity and Evolutionary Genomics, University of Leuven, Leuven, Belgium

⁵ Institute of Marine and Atmospheric Science, Hanyang University ERICA, Ansan, South Korea

⁶ Institute of Geological Sciences, Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland

The well-established principles of carbon and nitrogen isotope pools and fluxes in natural ecosystems make the stable isotope analysis of animal tissues an extremely useful tool in studying dietary preferences, food web dynamics and reconstruction of past ecology. However, in anthropogenic environments, the natural processes are disturbed; in particular, non-local dietary items can be imported, which makes interpreting past animal ecology very challenging. In this paper, we use a domestic cat as an example of species adapted to live in urbanized environment. Despite being domesticated and obligate carnivore, the cat is flexible in its dietary choices. It can easily switch its subsistence strategies between benefiting from human-provided food, opportunistically exploiting synanthropic environment, and raiding the wilderness. A recently published paper¹ revealed high isotopic variability in medieval urban cats, likely representing the availability of many variable food sources or subsistence types. To address these problems, we selected a collection of cat bones from a late medieval town of Gdańsk in northern Poland, an example of a domestic cat population living in one locality. We measured $\delta^{13}\text{C}$ and $\delta^{15}\text{N}$ values of individual amino acids and $\delta^{34}\text{S}$ values in collagen, in addition to previously reported bulk carbon and nitrogen stable isotope data from the same samples. Using this combined approach, we discriminated between marine and terrestrial resources and identified several isotopic groups of cats representing different feeding strategies within the Gdańsk town. Our data reveal that the dietary sources of several cats in Gdansk were based on imported crops (non-local foods).

References

1. Krajcarz, M. et al. Stable isotopes unveil one millennium of domestic cat paleoecology in Europe. *Sci. Rep.* 12, 12775 (2022).

Analiza zmian ekologicznych okolic Alwerni na podstawie malakofauny subfossylnej Gaudynowskich Skałek

Paulina Laskowska-Piekoszewska¹, Witold Paweł Alexandrowicz¹

¹ Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie, Wydział Geologii, Geofizyki i Ochrony Środowiska, Katedra Geologii Ogólnej i Geoturystyki

Celem przeprowadzonych badań była rekonstrukcja przemian środowiska na podstawie zespołów mięczaków rozpoznanych w osadach wypełniających małe formy krasowe rozwinięte w obrębie skał wapiennych w okolicach Alwerni, na Garbie Tenczyńskim. Formacje wapienne występujące na tym obszarze są atrakcyjne w kontekście badań malakologicznych, głównie ze względu na powszechne występowanie małych form krasowych (niewielkich jaskiń, rozwartych krasowo szczelin, nisz skalnych i schronisk podślanych) wypełnionych gliniasto-rumoszowymi osadami. Osady te cechują się dużą zawartością węglanu wapnia, w związku z tym stwarzają dogodne warunki dla zachowania się skorupek mięczaków. Szczegółowym badaniom malakologicznym poddano próbki pobrane z Gaudynowskich Skał, grupy skał zbudowanych z wapieni skalistych górnej jury. Podstawą analiz był materiał uzyskany z 36 próbek. Rozpoznano tu obecność bogatej i zróżnicowanej taksonomicznie i ekologicznie malakofauny. W oznaczonym materiale skorupowych stwierdzono występowanie malakofauny obejmującej 57 gatunków ślimaków lądowych reprezentowanych przez ponad 20 000 okazów. Tak bogata i zróżnicowana fauna pozwoliła na rekonstrukcję zmian środowiska naturalnego poddawanego badaniom obszaru. Malakocenozy reprezentują głównie okres późnego holocenu, a większość rozpoznanych wypełnień gromadziła się w okresie ostatnich kilkuset lat. Zróżnicowanie składu gatunkowego i struktury ekologicznej zespołów mięczaków wskazuje na obecność sąsiadujących ze sobą mikrosiedlisk często o wyraźnie odmiennych cechach.

Znaczenie psa w społecznościach późnej epoki żelaza na terenie współczesnej Polski – dotychczasowe wyniki oraz perspektywy na przyszłość

Zuzanna Majbrodzka¹

¹ Szkoła Doktorska Nauk Humanistycznych, Teologicznych i Artystycznych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Pies, jako pierwsze z udomowionych zwierząt, od początku zajmował wyjątkowe miejsce w życiu człowieka. Pełnił wiele istotnych utylitarnie ról, był również przedmiotem myśli symbolicznej. Szczególne znaczenie psa w społecznościach prehistorycznych uwidacznia się na wielu stanowiskach archeologicznych jako tzw. pochówki, często kompletnych szkieletów. Szczególną liczbą takich odkryć odznaczył się region Kujaw, gdzie szczątki psów odkrywane były w różnorodnych kontekstach, np. w pobliżu i wewnątrz domostw, obiektów gospodarczych, czy w wydzielonych miejscach na osadach, interpretowanych jako strefy sakralne/sanktuaria, a wreszcie też na cmentarzyskach. Fenomen występowania tzw. pochówków psów na stanowiskach archeologicznych datowanych na młodszy okres przedrzymski oraz okres wpływów rzymskich, opisywano już w latach 70.-80. ubiegłego stulecia (Cofta-Broniewska 1979, Andrałojć 1986, Makiewicz 1987). Rozważano go jednak niemal wyłącznie z kategoriach kulturowych, poprzez dane archeologiczne z niewielkim tylko udziałem danych zoologicznych. Przyjmowano, że odkrywane szczątki zdeponowano w efekcie działań rytualnych – tj. składania ofiar z psów podczas obrzędów religijnych. Mało uwagi poświęcano wynikom analiz osteologicznych szkieletów, wykonywanym wówczas głównie przez anatomów-osteologów.

W założeniach projektu badawczego podjętego przez autorkę, zjawisko grzebania psów w kulturach archeologicznych późnej epoki żelaza rozważane jest przy użyciu szerokiej gamy metod wykorzystywanych we współczesnej archeozoologii. Głównym celem projektu jest wskazanie roli i znaczenia psa w kulturze społeczności tzw. Barbaricum oraz weryfikacja wcześniejszych poglądów na ten temat, poprzez poznanie cech biologicznych ówczesnej populacji. Wyjątkowość badanego zbioru – ok. 170 szkieletów, pozwala na uchwycenie cech pojawiających się w populacji tego okresu dla różnych stanowisk archeologicznych. Poprzez uwzględnienie dotychczas nieanalizowanych materiałów i zastosowanie nowoczesnych metod laboratoryjnych, w tym weryfikacji chronologicznej znalezisk poprzez datowania radiowęglowe, autorka planuje dokonać weryfikacji zagadnień kulturowych oraz warunków, jakie panowały w relacji między człowiekiem, a psem na przełomie er. W wystąpieniu zaprezentowany zostanie analizowany materiał badawczy, zaplanowane metody oraz dotychczas uzyskane wyniki.

Literatura

- Andrałojć, M. (1986), *Pochówki psów u pradziejowych społeczeństw Europy Środkowej*, Inowrocław.
- Cofta-Broniewska, A. (1979), *Grupa kruszańska kultury przeworskiej*, Poznań.
- Makiewicz, T. (1987), *Znaczenie sakralne tak zwanych „pochówków psów” na terenie środkowoeuropejskiego Barbaricum*, [w:] *Folia Praehistorica Posnaniensia* 2, s. 239-275.

Building a community consensus standard for reporting ancient biomolecular metadata

Martyna Molak¹, MInAS-Team²

¹ Centre of New Technologies, University of Warsaw

² <https://www.mixs-minas.org/contributors>

The dynamic growth of the research field of palaeogenomics has been increasingly tightening collaboration between geneticists and palaeontologists and archaeologists. Genomic data has joined isotopic and other physicochemical measurements in augmenting core palaeontology's morphology-based research to provide a more comprehensive view of the past diversity of life. Palaeogenomics has been recognized by providing wide accessibility of raw data by thoroughly publishing it in open public repositories. However, the reusability of these data and linking it with other types of relevant data obtained in the field or even from the very same specimen is largely hindered by low accessibility of the associated metadata, which are often provided only in the supplementary files to the scientific articles that report the given palaeogenomic data, lack a standardized format that would improve findability and many a times are missing substantial information.

Other domains of biology have already developed standardised reporting guidelines to improve data discoverability. Such checklists already exist for modern (meta)genomics, and are required for upload to repositories such as the EBI's ENA and NCBI's SRA. In this talk I will present the 'Minimum Information about an Ancient Sequence' (MInAS) project (<https://mixs-minas.org/>), which aims to develop a core set of standardised metadata in a checklist specifically for ancient DNA sequences. This checklist would require or encourage particular types of information to be provided alongside published palaeogenomic data. Critically, this project relies on the input and agreement of the broader palaeogenomics, palaeontology-, archaeology- and other-biological-related communities to ensure adoption and integration with domain-specific databases. We wish to identify more stakeholders to get involved in the development of the checklist, therefore I will also discuss ways in which the research field can contribute to the project to develop a community-consensus with the ultimate aim of ensuring findability, accessibility, interoperability, and reusability (according to the FAIR principles) of palaeogenomic data.

Wstępne wyniki badań fauny magdaleńskiego stanowiska Jaskinia Hučivá (Tatry, Słowacja)

Adam Nadachowski¹, Anna Lemanik¹, Andrea Pereswiet-Soltan¹, Grzegorz Lipecki¹, Georgios L. Georgalis¹, Sylwia Pospuła¹, Mateusz Baca², Paweł Valde-Nowak³, Marian Soják⁴, Krzysztof Wertz¹, Katarzyna Zarzecka-Szubińska⁵

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, Kraków

² Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

³ Instytut Archeologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

⁴ Instytut Archeologii, Słowacka Akademia Nauk, Nitra-Bratysława

⁵ Zakład Paleozoologii, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław

Jaskinia Hučivá jest położona w Tatrach Bielskich, na zboczu Kobyłego Wierchu (Kobyly vrch) koło miejscowości Tatranská Kotlina (Słowacja). Otwór jaskini (4 m x 2,5 m) jest zwrócony na południe, leży na wysokości 936 m n.p.m., a jej długość wynosi ok. 16 m. Pierwsze narzędzia kultury magdaleńskiej zostały odkryte w 2018 roku co dało impuls do rozpoczęcia prac archeologicznych (Valde-Nowak i Soják, 2018). Regularne badania zostały przeprowadzone w 2019 i 2022 roku i uzupełnione w latach 2024 i 2025. W wyniku tych prac odkryto bogaty inwentarz narzędzi kamiennych i kościanych wyrobów kultury magdaleńskiej np. igły i narzędzie z k. łokciowej rysia (*Lynx lynx*) oraz kości zwierzęce. Wstępne wyniki (z sezonu 2019) zostały opublikowane (Valde-Nowak i in., 2022).

Na poprzecznym profilu badanych osadów zostało wyróżnionych 9 warstw, od prawie samej powierzchni są to osady gliniasto-gruzowe, o zróżnicowanej miąższości i barwie. Powierzchniowa, głównie humusowa warstwa 1, powstała współcześnie. Warstwy 2-4 nieco wcześniej, prawdopodobnie w czasach nowożytnych, o czym świadczą fragmenty ceramiki i daty uzyskane z węgla drzewnych: 325±30 lat BP (Poz-114314) z warstwy 2 i 365±30 lat BP (Poz-156266) z warstwy 4. Nieco bardziej miąższa warstwa 5 nie zawiera prawie zabytków archeologicznych, za to dość liczną i zróżnicowaną gatunkowo faunę kręgowców. Jej wiek nie jest jeszcze wyjaśniony i wymaga dalszych badań. Kolejna warstwa 6 (z kilkoma podwarstwami: 6a, 6b, 6c) jest horyzontem kulturowym, z bogatym inwentarzem kamiennych narzędzi i wyrobów kościanych oraz zróżnicowaną fauną. Jest to typowo gliniasto-gruzowy materiał, zawiera ślady ognisk, spalone/nadpalone kości i węgielki drzewne. Ze stropowej warstwy 6 uzyskano dotychczas trzy daty, dwie z przepalonych kości: 12 190±60 lat BP (Poz-114742) i 12 160±60 lat BP (Poz-114743) i jedną z zuchwy koziorożca: 12 160 lat BP (Poz-126122), a ze spągowej części warstwy 6a dwie daty z kości koziorożca i konia: 12 200±50 lat BP (Poz-162379) i 12 280±60 lat BP (Poz-162378). Wiek warstwy przypada (po kalibracji) na granicę interstadiałów Bølling (GI-1e) i Allerød (GI-1c) późnego glacjału. Pozostałe poziomy, szczególnie warstwa 9, są bardziej gruzowe, zawierają pojedyncze zabytki lub są jałowe archeologicznie.

Wstępna analiza fauny dotyczy materiałów uzyskanych w trakcie wykopalisk przeprowadzonych w latach 2019 i 2022. Szczątki należą do kręgowców z różnych grup systematycznych i łącznie liczą prawie 2400 okazów oznaczonych do poziomu gatunku/rodzaju/rodziny i około 7000 nieoznaczalnych fragmentów kostnych. Ssaki reprezentowane są łącznie przez 812 oznaczalnych szczątków które należą do Soricomorpha (NISP=15, 4 gatunki), Chiroptera (NISP=90, 16 gat.), Rodentia (NISP=179, 14 gat.), Lagomorpha (NISP=129, 2 gat.), Artiodactyla (NISP=174, 5 gat.), Perissodactyla (NISP=43, 1 gat.) i Carnivora (NISP=182, 7 gat.). Na ok. 880 oznaczonych kości ptaków udało się wykazać obecność 25-26 gatunków. Faunę uzupełniają płazy (NISP>700, 2 gatunki) i gady (NISP=2, 1 gat.). Szczątki ssaków występują przede wszystkim w warstwie 6 (od 60% do 78% wszystkich szczątków w zależności od grupy systematycznej) i warstwie 5 (od 10% do 23%). W przypadku ptaków różnica jest jeszcze większa (warstwa 6 – 90%, warstwa 5 – 1.5%). Wymienione warstwy różnią się nieco składem gatunkowym co może sugerować ich różny wiek. Duże zróżnicowanie ekologiczne fauny kręgowców wskazuje na obecność mozaiki środowisk na południowych zboczach Tatr w późnym glacjału.

Fauna Jaskini Hučivá wyróżnia się obecnością koziorożca alpejskiego (*Capra ibex*) (przede wszystkim w warstwie kulturowej), którego obecność została genetycznie potwierdzona. Koziorożec i dziki koń (*Equus ferus*) były głównymi gatunkami łownymi myśliwych magdaleńskich o czym świadczą dość liczne ślady eksploatacji (cięcia, uderzenia, złamania) zachowane na kościach. Wśród ssaków drapieżnych najwięcej szczątków należy do niedźwiedzia brunatnego (*Ursus arctos*). W podwarstwie 6a jest obecny piesiec (*Vulpes lagopus*), a w podwarstwie 6b - tchórz stepowy (*Mustela eversmanii*). Zespół fauny z warstw 6 i 6a charakteryzuje się występowaniem rzadkich reliktyw glacialnych takich jak: obroźnik tundrowy (*Dicrostonyx torquatus*) czy europejski nornik wąskogłowy (*Stenocranius anglicus*) oraz

szczekuszką (*Ochotona pusilla*) razem z pospolitymi w tych warstwach gatunkiem leśnym – nornicą rudą (*Clethrionomys glareolus*) i petrofilnym - śnieżnikiem europejskim (*Chionomys nivalis*). Fauna nietoperzy jest bardzo zróżnicowana, należy tu 15 gatunków z rodzajów *Barbastella*, *Eptesicus* (2 gat.), *Myotis* (7 gat.), *Nyctalus* (2 gat.), *Plecotus* (2 gat.), *Pipistrellus* i *Rhinolophus*. W faunie ptaków wyraźnie dominują dwa gatunki pardw, łącznie do rodzaju *Lagopus* należy 48% wszystkich szczątków. Pardwa mszarna (*Lagopus lagopus*) jest liczniejsza (60%) niż pardwa górska (*Lagopus muta*) (40%). Do względnie licznych gatunków należy cietrzew (*Lyrurus tetrix*) i dwa gatunki krukowatych zasiedlające piętro alpejskie: wieszczek (*Pyrrhocorax graculus*) i wrończyk (*Pyrrhocorax pyrrhocorax*). Pozostałe gatunki ptaków należą do form związanych z wodą jak łabędź krzykliwy (*Cygnus cygnus*), bernikla (*Branta laucopsis*) i łódówka (*Clangula hyemalis*) czy pliszka górska (*Motacilla cinerea*) oraz ptaków leśnych takich jak kowalik (*Sitta europaea*) i kilka gatunków drozdów (rodzaj *Turdus*). Ptaki drapieżne są reprezentowane przez sowy (uszatkę błotną *Asio flammeus*, puchacza *Bubo bubo* i puchacza śnieżnego *Bubo scandiacus*). Szczątki płazów to prawie wyłącznie salamandra (*Salamandra salamandra*), a gady reprezentuje gniewosz (*Coronella* sp.).

Fauna jest w trakcie szczegółowego opracowania, z zaangażowaniem specjalistów od tafonomii i analizy śladów pozostawionych na kościach, sezonowości polowań, badań DNA - starożytnego (aDNA) i osadowego (sedaDNA), analiz klimatyczno-środowiskowych, badań składu izotopowego kości itd. Jednym z najważniejszych pytań czekających na odpowiedź jest ustalenie różnicy wieku fauny z warstw 5 i 6 co wymaga dalszych datowań i innych analiz. Rozwiązanie tego problemu pozwoli być może odpowiedzieć na pytanie czy któryś z reliktywów późnoglacialnych, takich jak np. koziorożec i nornik wąskogłowy przetrwał w Tatrach do końca plejstocenu, a może nawet do holocenu.

Badania są finansowane z projektu NCN 2021/41/B/HS3/03217 i działalności statutowej zainteresowanych instytucji.

Literatura

- Valde-Nowak P., Baca M., Cieśla M., Kościuk-Załupka J., Kraszewska A., Lemanik A., Nadachowski A., Popović D., Skłucki J., Soják M. 2022. Hučivá Cave: a Magdalenian hunting camp in the Tatra Mountains. *Antiquity*, 96, 388: 1008 – 1014.
- Valde-Nowak P., Soják M. 2018. Paleolithic Man in the Tatra Mountains. *Acta Archaeologica Carpathica*, 53: 37-48.

Zmiana efektywnej wielkości populacji i rozmieszczenia linii filogenetycznych łosia (*Alces alces*) na skutek znaczących zmian środowiskowych w ciągu ostatnich 50 tysięcy lat w Eurazji / Changes in effective population size and distribution of phylogenetic lineages of moose (*Alces alces*) in response to environmental alterations during the last 50 thousand years in Eurasia

Magdalena Niedziałkowska¹, Danijela Popović², Mateusz Baca², Paweł Mackiewicz³, Hanna Zalewska¹, Krzysztof Stefaniak⁴, Bogdan Ridush⁵, Oleksandr Kovalchuk^{4,6}, Urszula Ratajczak-Skrzatek⁴, Michał Ostrówka², Michał Golubiński², Emilia Hofman-Kamińska¹, Rafał Kowalczyk¹, Kamilla Pawłowska⁷, Daniel Makowiecki⁸, Lembi Lõugas⁹, Eve Rannamäe¹⁰, Ulrich Schmölcke¹¹, Jarosław Wilczyński¹²

¹ Mammal Research Institute Polish Academy of Sciences, Stoczek 1c, 17-230 Białowieża, Poland

² University of Warsaw, Centre of New Technologies, S. Banacha 2c, 02-097 Warsaw, Poland

³ Department of Bioinformatics and Genomics, Faculty of Biotechnology, University of Wrocław, Joliot-Curie 14a, 50-383 Wrocław, Poland

⁴ Department of Palaeozoology, Faculty of Biological Sciences, University of Wrocław, Sienkiewicza 21, 50-335 Wrocław, Poland

⁵ Department of Physical Geography, Geomorphology and Paleogeography, Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Kotsubynskogo 2, Chernivtsi 58012, Ukraine

⁶ Department of Paleontology, National Museum of Natural History National Academy of Sciences of Ukraine, 15 B. Khmelnytsky 15, Kyiv 01030 Ukraine

⁷ Adam Mickiewicz University in Poznań, Institute of Geology, Krygowskiego 12, 61-680 Poznań, Poland

⁸ Nicolaus Copernicus University, Institute of Archaeology, Department of Historical Sciences, Szosa Bydgoska 44/48, 87-100 Toruń, Poland

⁹ Archaeological Research Collection, Tallinn University Rüütli 10, 10130 Tallinn, Estonia

¹⁰ Department of Archaeology, Institute of History and Archaeology, University of Tartu, Jakobi 2, 51005, Tartu, Estonia

¹¹ Leibniz-Zentrum für Archäologie; Centre for Baltic and Scandinavian Archaeology (LEIZA-ZBSA), Schloss Gottorf, 24837 Schleswig, Germany

¹² Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Sławkowska 17, 31-016 Kraków, Poland

Duże, przystosowane do zimnego klimatu ssaki, takie jak łось eurazjatycki (*Alces alces*), są wyjątkowo wrażliwe na zmiany środowiskowe oraz nadmierne polowania ze strony człowieka. Pomimo ograniczenia zasięgu występowania i spadku liczebności populacji od środkowego holocenu, łosie pozostają jednymi z ostatnich przedstawicieli megafauny Eurazji, które przetrwały do dzisiaj. Przeanalizowaliśmy mitochondrialne genomy (mtDNA) pochodzące ze szczątków 95 subfosylnych oraz 137 współczesnych osobników łosia z obszaru Eurazji. Naszym celem było zbadanie zmian różnorodności genetycznej, efektywnej wielkości populacji (N_e) oraz zasięgu i rozmieszczenia linii mtDNA tego gatunku w ciągu ostatnich 50 000 lat w odpowiedzi na wahania klimatyczne i presję ze strony człowieka. Wykazaliśmy, że łosie należące do europejskiej i azjatyckiej linii mtDNA rozdzieliły się na początku ostatniego zlodowacenia i są genetycznie oraz ekologicznie odrębne. Główne współczesne klady europejskiej linii mtDNA (wschodni, centralny i zachodni) różnicowały się przed maksimum ostatniego zlodowacenia, a następnie podzieliły się na kilka haplogrup. Efektywna wielkość populacji łosia wzrosła po okresie zlodowacenia, osiągnęła najwyższy poziom w środkowym holocenie, jednak do dnia dzisiejszego zmniejszyła się o połowę w przypadku azjatyckiej linii mtDNA i czterokrotnie w przypadku europejskiej linii mtDNA. Najbardziej zmniejszył się zasięg oraz efektywna wielkość populacji kładu centralnego, natomiast zasięg kładu wschodniego pozostaje niezmienny od wczesnego holocenu, a jego N_e nadal rośnie. Wydaje się, że populacje łosia we wschodniej Europie były w mniejszym stopniu dotknięte czynnikami antropogenicznymi niż populacje zamieszkujące inne części kontynentu. Chociaż łось jest gatunkiem przystosowanym do chłodnego klimatu i wrażliwym na wysokie temperatury letnie, najważniejszym czynnikiem powodującym spadek jego N_e w okresie holocenu nie było ocieplenie klimatu, lecz najprawdopodobniej nadmierne polowania oraz niszczenie siedlisk przez człowieka.

ENG

Large, cold-adapted mammals such as moose (*Alces alces*) are highly sensitive to environmental changes and overhunting by humans. Despite range and population declines since the middle Holocene, moose are among the last surviving Eurasian megafauna until today. We analyzed mitogenomes (mtDNA) from 95 subfossil and 137 modern Eurasian moose remains. Our aims were to study changes in genetic diversity, effective population size (N_e), range and distribution of mtDNA lineages of the species during the last 50,000 years in response to climatic oscillations and human pressure. We indicated that moose belonging to European and Asiatic mtDNA lineages diverged at the beginning of the Last Glacial, and they are genetically and ecologically distinct. The main contemporary clades of the European mtDNA lineage (Eastern, Central and Western) diversified before the Last Glacial Maximum, then split into several haplogroups. Moose effective population size increased in the postglacial times, was largest in the middle Holocene, but decreased by half for the Asiatic mtDNA lineage and by four times for the European mtDNA lineage until the present day. The Central European mtDNA clade experienced the most significant contraction in range and effective population size, whereas the Eastern clade's range has remained unchanged since the early Holocene, and its N_e has been increasing. It seems that moose populations in the Eastern Europe were less affected by anthropogenic factors than populations inhabiting other parts of the continent. Although the moose is a cold-adapted species sensitive to high summer temperatures, the most important factor causing a decrease in its N_e during the Holocene was not climate warming, but most probably overhunting and their habitat destruction caused by humans.

Zmienność morfologiczna, a adaptacje środowiskowe plejstoceńskich reniferów *Rangifer tarandus* w Europie Środkowej

Oliwia Oszczepalińska¹, Ursula B. Göhlich², Anna Kaisa-Salmi³, Martina Roblíčková⁴, Krzysztof Stefaniak⁵, Kjetil Lysne Voje⁶

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, PAN, Polska, oszczepalinska@isez.pan.krakow.pl

² Muzeum Historii Naturalnej w Wiedniu, Austria

³ Historia, Kultura i Komunikacja Społeczna, Uniwersytet w Oulu, Finlandia

⁴ Muzeum Morawskie, Instytut Antropologii, Czechy

⁵ Zakład Paleozoologii, Uniwersytet Wrocławski, Poland

⁶ Muzeum Historii Naturalnej, Uniwersytet w Oslo, Norwegia

Renifery (*Rangifer tarandus*) są dobrze przystosowane do życia w skrajnie północnych warunków środowiskowych. Strategie mobilności tych zwierząt różnią się w zależności od uwarunkowań klimatycznych, ekologicznych i geograficznych: populacje zamieszkujące otwarte środowiska tundrowe odbywają zazwyczaj długodystansowe migracje sezonowe, natomiast populacje leśne przemieszczają się na krótsze dystanse. W plejstocenie na obszarze Europy Środkowej renifer był jednym z głównych gatunków łownych, a społeczności łowców-zbieraczy wyspecjalizowały się w jego pozyskiwaniu i wykorzystywaniu.

Celem badań była ocena zmienności osteometrycznej dystalnych kości śródreźca i śródstopia kopalnych reniferów z wybranych stanowisk otwartych i jaskiniowych Europy Środkowej, w odniesieniu do strategii mobilności i preferowanego typu siedliska. Analizie poddano trzy wymiary (Bd, Dd, TMLMIN) przy użyciu analizy głównych składowych (PCA).

Analiza PCA wykazała, że większość kopalnych osobników mieści się w zakresie zmienności współczesnego podgatunku *R. t. tarandus*. Nieliczne okazy znajdują się bliżej wartości charakterystycznych dla większego *R. t. fennicus* lub mniejszego *R. t. platyrhynchus*, co prawdopodobnie odzwierciedla naturalną zmienność osobniczą. Ogólny rozkład wyników wskazuje na wysoki stopień jednorodności morfologicznej analizowanej próby, z obecnością pojedynczych form o skrajnych wartościach pomiarów.

Badania te są prowadzone w ramach projektu ERC CoG „Exploring Mammoth Bone Accumulations in Central Europe” (MAMBA) numer 101045245.

Pilotażowy projekt wykorzystania guana nietoperzy z jaskiń do rekonstrukcji środowiskowych, faunistycznych i klimatycznych

Andrea Pereswiet-Soltan¹

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polskiej Akademii Nauk, ul. Sławkowska 17, 31-016, Kraków
pereswiet_soltan@yahoo.it

Na całym świecie populacje nietoperzy odgrywają ważne funkcje ekologiczne, takie jak kontrola owadów szkodliwych dla upraw rolniczych, zapylanie roślin czy wspieranie ekoturystyki. Dodatkowo nietoperze są silnie związane ze swoimi ulubionymi siedliskami, a informacje biogeochemiczne zachowane w nagromadzeniach ich guana mogą potencjalnie dostarczać cennych danych paleośrodowiskowych i paleoklimatycznych. Mogą być szczególnie istotne w badaniach klimatu na obszarach, w których brak jest zapisów lodowych, a dane o suszach uzyskane ze starszych drzew i osadów jeziornych są ograniczone.

Guano nietoperzy może stanowić idealny zapis dawnej roślinności, ponieważ wartość $\delta^{13}\text{C}$ roślin z danego regionu jest przenoszona z rośliny na owada, następnie na nietoperza, a ostatecznie rejestrowana w guanie. Wartości $\delta^{13}\text{C}$ roślinności różnią się pomiędzy dwoma głównymi szlakami fotosyntezy (C_3 i C_4). Mogą one zachowywać informacje dotyczące środowiska, składu roślinności otaczającej kolonie nietoperzy, a także obecności zanieczyszczeń. Niektóre gatunki nietoperzy owadożernych są oportunistyczne, dlatego analiza guana pozwala również na rekonstrukcję zmian w składzie entomofauny.

W zależności od morfologii i hydrologii danego systemu krasowego, zalania korytarzy podziemnych mogą powodować przemieszanie się warstw guana z warstwami iłu i mułu. Takie okoliczności i badania sedymentologiczne dostarczają dodatkowych informacji na temat lokalnych zmian środowiskowych w jaskini w okresie deponowania guana. Jaskinie mogą być zasiedlane przez różne gatunki nietoperzy, lecz zmiany mikroklimatu jaskiniowego – związane zarówno ze zmianami klimatu, jak i ewolucją morfologii samej jaskini – mogą prowadzić do zmian w składzie gatunkowym kolonii w czasie.

Dotychczas wiele badań nad guanem prowadzono w regionach umiarkowanych kontynentalnych oraz tropikalnych. Jednak niewiele istnieje zapisów dotyczących osadów guana pochodzących ze środowisk suchych. Dlatego proponowany jest pilotażowy projekt w rejonie śródziemnomorskim, gdzie występują różnorodne jaskinie, w których bywały w przeszłości duże kolonie nietoperzy na różnych wysokościach i głębokościach.

Literatura

- Choa, O., Lebon, M., Gallet, X., Dizon, E., Ronquillo, W., Jago-on, S.C., Detroit, F., Falgueres, C., Ghaleb, B., S'émah, F., 2016. Stable isotopes in guano: Potential contributions towards palaeoenvironmental reconstruction in Tabon Cave, Palawan, Philippines. *Quat. Int.* 416, 27–37. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2015.12.034>.
- Gallant, L.R., Grooms, C., Kimpe, L.E., Smol, J.P., Bogdanowicz, W., Stewart, R.S., Clare, E.L., Fenton, M.B., Blais, J.M., 2020. A bat guano deposit in Jamaica recorded agricultural changes and metal exposure over the last > 4300 years. *Palaeogeogr. Palaeoclimatol. Palaeoecol.* 538, 1–7. <https://doi.org/10.1016/j.palaeo.2019.109470>.
- Leroy, S. & Simms, M. 2006. Iron Age to Medieval entomogamous vegetation and *Rhinolophus hipposideros* roost in south-eastern Wales (UK). *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology.* 237. [10.1016/j.palaeo.2005.11.025](https://doi.org/10.1016/j.palaeo.2005.11.025).
- Onac, B.P., Hutchinson, S.M., Geant˘a, A., Forray, F.L., Wynn, J.G., Giurgiu, A.M., Coroiu, I., 2015. A 2500-yr late Holocene multi-proxy record of vegetation and hydrologic changes from a cave guano-clay sequence in SW Romania. *Quaternary Research* 83 (3), 437–448. <https://doi.org/10.1016/j.yqres.2015.01.007>.
- Widga, C., Colburn, M., 2015. Paleontology and paleoecology of guano deposits in Mammoth Cave, Kentucky, USA. *Quat. Res.* 83, 427–436. <https://doi.org/10.1016/j.yqres.2015.01.008>.

Paleogenomic insights into reduced gene flow between *Felis* species in Eastern Europe throughout the Holocene

Danijela Popović¹, Maciej T. Krajcarz², Marco De Martino³, Jelena Bulatović⁴, Vesna Dimitrijević⁵, Daniel Makowiecki⁶, Adrian Marciszak⁷, Nemanja Marković⁸, Mladen Mladenović⁸, Stefan Pop-Lazić⁸, Ivana Živaljević⁹, Jarosław Wilczyński¹⁰, Claudio Ottoni³, Mateusz Baca¹, Magdalena Krajcarz⁶

¹ University of Warsaw, Centre of New Technologies, S. Banacha 2c, 02-097 Warsaw, Poland

² Institute of Geological Sciences, Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland

³ Centre of Molecular Anthropology for Ancient DNA studies, Department of Biology, University of Rome Tor Vergata, Rome, 00133, Italy

⁴ Department of Historical Studies, University of Gothenburg, Sweden

⁵ Laboratory for Bioarchaeology, Department of Archaeology, Faculty of Philosophy, University of Belgrade, Serbia

⁶ Institute of Archaeology, Nicolaus Copernicus University, Toruń, Poland

⁷ Department of Palaeozoology, University of Wrocław, Poland

⁸ Institute of Archaeology, Belgrade, Serbia

⁹ Department of History, Faculty of Philosophy, University of Novi Sad, Serbia

¹⁰ Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland

Hybridisation between the European wildcat (*Felis silvestris*) and the rapidly expanding domestic cat population is one of the main issues in the conservation debate. Recent paleogenomic data suggest that such hybridisation was relatively uncommon in the past and has become more prevalent only in recent times. Furthermore, it has been discovered that hybridization between European wildcats and African wildcats (*F. lybica lybica*), the ancestors of domestic cats, also occurred in the past. To further explore introgression between these two wildcat species, we analysed 23 ancient specimens dated from the Late Pleistocene to the Early Medieval period and morphologically classified as *Felis* from eastern Europe, a region proximate to potential historical contact zones. Our results show that all specimens predating the Roman period harboured 85%–90% *F. silvestris* nuclear ancestry, even when carrying mitochondrial haplotypes characteristic of *F. l. lybica*. These findings suggest that the phylogeographic structure of the modern *F. silvestris* population was likely established early in the Holocene, following postglacial expansion from refugial populations. This study highlights the complexity of interpreting hybridisation and domestication events, indicating that ancient introgression may persist in the genomes of modern European wildcats and be misinterpreted as evidence of recent hybridisation.

This work was financially supported by the National Science Centre, Poland (grant no. 2019/35/B/HS3/02923)

Sylvia Pospuła¹

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt Polskiej Akademii Nauk

Analiza przyrostów cementu korzeniowego stanowi coraz częściej wykorzystywaną metodę w badaniach sezonu śmierci zwierząt. Technika ta opiera się na charakterystycznych właściwościach cementu, który odkłada się przez cały okres funkcjonowania zęba w postaci rocznych przyrostów.

Roczny cykl przyrostów cementu składa się z dwóch warstw: letniej i zimowej. Warstwa letnia, powstająca w okresie zwiększonej dostępności wody i pożywienia (lato–jesień), charakteryzuje się większą szerokością, mniejszym stopniem uwapnienia oraz wyższą zawartością komórek cementu. Z kolei warstwa zimowa, formująca się w czasie ograniczonego dostępu do zasobów (zima–wiosna), cechuje się większą gęstością i silniejszym uwapnieniem. W obrazie mikroskopowym warstwy te widoczne są jako naprzemienne pasma o różnej szerokości i strukturze, co umożliwia identyfikację ostatniego przyrostu, a tym samym określenie sezonu śmierci zwierzęcia (Goodwin i Ballard 1985; Lieberman 1994; Lasota-Moskalewska 2008; Stutz 2002). Aby przeprowadzić taką analizę, niezbędne jest przygotowanie odpowiedniego preparatu mikroskopowego.

Na podstawie wyników analizy sezonu śmierci zwierząt możliwe jest uzyskanie informacji przydatnych do interpretacji różnych aspektów funkcjonowania dawnych społeczności. Dane te mogą wspierać rekonstrukcję sezonowości użytkowania stanowisk archeologicznych oraz wskazywać na strategie hodowlane i gospodarcze, takie jak czas uboju. Ponadto cementochronologia znajduje zastosowanie również w określaniu wieku zwierząt.

Literatura:

Goodwin, E.A., Ballard, W.B., 1985. Use of Tooth Cementum for Age Determination of Gray Wolves. *J. Wildl. Manag.* 49 (2), 313.

Lieberman, D.E., 1994. The Biological Basis for Seasonal Increments in Dental Cementum and Their Application to Archaeological Research. *J. Archaeol. Sci.* 21 (4), 525–539.

Lasota-Moskalewska, A. 2008. Podstawy archeozoologii, Szczątki ssaków, Warszawa.

Stutz, A.J. 2002. Pursuing past seasons: a re-evaluation of cementum increment analysis in paleolithic archaeology. The University of Michigan, PhD thesis.

FENIX – szansa dla przyrody. „Dobre praktyki w zakresie ochrony cennych przyrodniczo siedlisk i gatunków w PK ”Orlich Gniazd” nr FENX.01.05-IW.01-0023/24

Aneta Sojka¹, Milena Piątkowska¹, Dorota Okoń¹

¹ Zespół Parków Krajobrazowych Województwa Śląskiego, ul. I Krasickiego 25, 42-500 Będzin

FENIX – szansa dla przyrody – projekt realizowany przez Zespół Parków Krajobrazowych Województwa Śląskiego ma na celu kompleksową ochronę, odtworzenie i poprawę cennych siedlisk oraz gatunków w Parku Krajobrazowym Orlich Gniazd i jego otulinie. Wartość projektu wynosi 4,72 mln zł, z czego 85% pochodzi z Funduszu Spójności. Działania obejmują m.in.: usuwanie podrostów i gatunków inwazyjnych, koszenie i dosiewanie łąk, ochronę torfowisk, likwidację nielegalnych wysypisk, wypas zwierząt oraz monitoring przyrodniczy.

Projekt przewiduje również ukierunkowanie ruchu turystycznego poprzez budowę i modernizację infrastruktury (ścieżki, kładki, wieże widokowe, tablice edukacyjne) w rejonie rezerwatu Smoleń, Doliny Wodącej, Doliny Białej Przemszy i Pustyni Błędowskiej. Realizacja potrwa do 30.11.2029 r., a działania mają wzmocnić ochronę przyrody, ograniczyć negatywny wpływ turystyki i zwiększyć świadomość ekologiczną społeczności lokalnych oraz turystów.

Rola zwierząt w życiu mieszkańców średniowiecznego Sanoka (XII-XV w.) - metody badań specjalistycznych i ich potencjał poznawczy, prezentacja wstępnych wyników analizy archeozoologicznej

Olha Synkowska¹

¹ Szkoła Doktorska Nauk Humanistycznych, Katedra Bioarcheologii, Wydział Archeologii, Uniwersytet Warszawski, ul. Krakowskie Przedmieście 26/28, 00-927 Warszawa, o.synkowska@student.uw.edu.pl, ORCID ID: 0009-0003-7053-0269

Celem referatu jest prezentacja projektu oraz metod badawczych zastosowanych w trakcie analizy materiału osteologicznego, wydobytego podczas prac archeologicznych na terenie wzgórza zamkowego w Sanoku (stanowisko 1). We wczesnym średniowieczu (XII–XIII w.) ośrodek ten znajdował się na zachodnich rubieżach Rusi Halicko-Wołyńskiej i pełnił istotną rolę polityczną, administracyjną oraz militarną. W późnym średniowieczu (XIV–XV w.) stanowił rezydencję królów i książąt polskich.

Celem pracy doktorskiej jest odtworzenie strategii gospodarowania zwierzętami, typów konsumpcji, pozycji socjalnej konsumentów, a także przyżyciowego użytkowania zwierząt i ewentualnych zmian tych praktyk w czasie, na tle przekształceń społeczno-kulturowych pogranicza polsko-ruskiego, a następnie ziemi sanockiej.

W celu uzyskania odpowiedzi na postawione pytania badawcze zostaną zastosowane metody analizy archeozoologicznej, zarówno makroskopowe (takie jak analiza rozkładów gatunkowych i anatomicznych, ocena wieku i płci, pomiary kości i rekonstrukcja morfologii zwierząt na ich podstawie, a także analiza śladów obecnych na powierzchniach kości), jak i mikroskopowe (w tym ocena śladów technologicznych i użytkowych na zabytkach oraz półproduktach z surowca kostnego, jak również śladów obróbki rzeźnej). Planowane są ponadto badania izotopowe, które umożliwią ocenę miejsca i środowiska wypasu zwierząt oraz ich diety.

W referacie zaprezentowane zostaną wstępne wyniki analizy archeozoologicznej przeprowadzonej na próbce obejmującej 3176 fragmentów kostnych, pochodzących ze zbioru osteologicznego około 20 000 fragmentów wydobytych z warstw kulturowych i obiektów datowanych na okres wczesnego i późnego średniowiecza.

Zespół malakofauny w osadach Jaskini Perspektywicznej (Wyżyna Krakowsko-Częstochowska)

Marcin Szymanek¹

¹ Uniwersytet Warszawski, Wydział Geologii

Badania malakologiczne przeprowadzono w profilu namuliska Jaskini Perspektywicznej, w okolicach wsi Poręba Dzierżna na Wyżynie Krakowsko-Częstochowskiej. Muszle mięczaków nagromadzone są w osadach lessopodobnych, piaskach oraz glinach pylastych z gruzem wapiennym, w przyotworowej części jaskini. Osady te reprezentują górny plejstocen oraz dolny, środkowy i górny holocen.

Materiał malakologiczny obejmuje 67 taksonów, w tym 54 gatunki ślimaków i 1 gatunek małży. Są one reprezentowane przez 8179 okazów, przy czym liczba taksonów w próbce wynosi od 10 do 55, a liczba okazów od 20 do 4748. Najliczniejszy zespół występuje w warstwie 4 korelowanej ze środkowym holocenem.

Zespół malakofauny z Jaskini Perspektywicznej pozwala wyróżnić główne fazy zmian paleośrodowiskowych w jej bezpośrednim otoczeniu, w późnym plejstocenie i w holocenie. Pod koniec plejstocenu i na początku holocenu występował zespół z *Discus ruderatus*, *Vallonia pulchella*, *Succinella oblonga* i towarzyszącymi im relikdami glacialnym *Vallonia tenuilabris* i *Semilimax kotulae*. Fauna ta jest typowa dla mozaiki siedlisk ze zbiorowiskami drzew iglastych i licznymi siedliskami otwartymi. W wyższej części profilu przeważają gatunki środowisk zacienionych. Liczne *Discus rotundatus*, *Discus perspectivus* i *Aegopinella pura* wskazują na fazę atlantycką holocenu, oraz na przewagę lasów liściastych i mieszanych w okolicach stanowiska. W najwyższej części profilu notuje się podwyższoną frekwencję gatunków leśnych i mezofilnych, z licznymi *Laciniaria plicata* i *Helicigona lapicida*. Wzrost znaczenia gatunków mezofilnych może sugerować stopniowe wylesianie badanego terenu.

Badania były finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki, projekt nr 2014/15/D/HS3/01302.

Zbiorowy pochówek koni z trzcinieckiego stanowiska nr 6 w Kazimierzy Wielkiej (woj. świętokrzyskie) – wyniki badań interdyscyplinarnych

Jarosław Wilczyński¹, Marcin M. Przybyła², Krzysztof Tunia³, Kamila Musiał⁴, Katarzyna Ropka-Molik⁴, Monika Stefaniuk-Szmukier⁴, Sylwia Pospuła¹, Oliwia Oszczepalińska¹

¹ Instytut Systematyki i ewolucji Zwierząt PAN w Krakowie, Sławkowska 17, 31-016 Kraków

² Dolmen Marcin Przybyła, Michał Podsiadło s.c.”, Serkowskiego Sq. 8/3, 30-512 Kraków; Poland

³ Instytut Archeologii i Etnologii PAN, Ośrodek Archeologii Gór i Wyżyn w Krakowie

⁴ Zakład Biologii Molekularnej Zwierząt, Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy

Tematem naszego komunikatu jest prezentacja wyników badań interdyscyplinarnych przeprowadzonych na sześciu szkieletach koni odkrytych w obrębie obiektu kultury trzcinieckiej ze stanowiska numer 6 w Kazimierzy Wielkiej (woj. świętokrzyskie). Nasze badania obejmowały analizę archeozoologiczną uzyskanych szczątków, określenie płci oraz umaszczenia pogrzebanych zwierząt oraz ustalenia czasu pochówku tj. sezonu śmierci.

Czekałam 50 lat... Jaskinia Mamutowa i Nietoperzowa w świetle najnowszych badań

Jarosław Wilczyński¹, Damian Stefański²

¹ Instytut Systematyki i ewolucji Zwierząt PAN w Krakowie, Sławkowska 17, 31-016 Kraków

² Muzeum Archeologiczne w Krakowie, ul. Senacka 3, 31-002 Kraków

Prezentowany wykład dotyczy badań stanowisk jaskiniowych kluczowy dla zrozumienia procesu, który doprowadził do zaniku na obszarze Środkowej Europy populacji neandertalskich i zastąpienia ich przez grupy człowieka współczesnego. Sekwencje stratygraficzne ujawnione na obu stanowiskach obejmują czas dynamicznych przemian środowiskowych i kulturowych ostatnich 40 tys. lat i obfitują zarówno w materiał paleontologiczny jak i archeologiczny. Podczas naszego wystąpienia pragnęlibyśmy zaprezentować wstępne wyniki naszych prac terenowych oraz perspektyw badań laboratoryjnych.

Badania zooarcheologiczne i izotopowe szczątków zwierząt ze stanowiska Ridala (wyspa Saaremaa, Estonia) z późnej epoki brązu / Zooarchaeological and isotopic study of animal remains from the Late Bronze Age site of Ridala, Saaremaa Island, Estonia

Piotr Wojtal¹, Joanna Religa-Sobczyk¹, Nina Kowalik¹, Sylwia Pospuła¹, Lembi Lõugas^{2,3}, Christoph Spötl⁴, Teresa Tomek¹, Krzysztof Wertz¹

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Kraków

² Archaeological Research Collection, Tallinn University, Tallinn, Estonia

³ Department of Zoology, Institute of Ecology and Earth Sciences, University of Tartu, Tartu, Estonia

⁴ Institute of Geology, University of Innsbruck, Innsbruck, Austria

Stanowisko Ridala znajduje się w południowo-wschodniej części wyspy Saaremaa (Estonia). Przeprowadzone w latach 60 XX w. badania archeologiczne wskazują, że była to osada obronna jednofazowa, datowana na późną epokę brązu. Poza licznymi artefaktami znaleziono materiał osteologiczny należący do różnych grup zwierząt (ryb, ptaków, ssaków). Badania zooarcheologiczne, tafonomiczne, analizy składu izotopowego strontu ($^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$) i tlenu ($\delta^{18}\text{O}$) oraz badania sezonu śmierci zwierząt w oparciu o przyrosty w cemencie dostarczyły wglądu w zwyczaje żywieniowe mieszkańców osady.

W oparciu o wyniki badań możemy stwierdzić, że praktyki hodowlane stosowane w Ridali wyróżniały się na tle innych osad z podobnego okresu w basenie morza Bałtyckiego. Zdecydowana przewaga szczątków kóz i owiec nad szczątkami innych zwierząt hodowlanych, takich jak bydło i świnię, wyróżnia to stanowisko spośród innych. Jednak obecność dużej ilości szczątków fok stanowiących alternatywne źródło pożywienia dla mieszkańców tej osady nie jest zaskakująca, biorąc pod uwagę jej położenie w pobliżu morza. Jednak pomimo łatwego dostępu do zasobów morskich, mieszkańcy Ridali nie łowili ryb morskich. Natomiast na stanowisku odkryto liczne szczątki ryb słodkowodnych. Oprócz ssaków i ryb, znaleziono również niewielką liczbę kości ptaków, reprezentujących głównie różne gatunki ptactwa wodnego.

Analizy składu izotopowego strontu i tlenu, sezonu śmierci, przeprowadzone u poszczególnych gatunków udomowionych wskazują na zrównoważoną gospodarkę dostosowaną do lokalnych warunków. Większość przebadanych osobników wykazywała zgodność wartości $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ szkliwa z lokalnym tłem izotopowym. Równocześnie wyniki wskazują, że ssaki domowe były przenoszone na inne pastwiska latem i zimą. Dane dotyczące składu izotopowego tlenu uzyskane ze szkliwa zębów odzwierciedlają sezonowe zmiany wartości $\delta^{18}\text{O}$ w wodzie pitnej. Wskazuje to, że zwierzęta najprawdopodobniej miały dostęp do małych zbiorników wodnych, takich jak strumienie. Ponadto analiza sezonu śmierci wskazuje na zabijanie zwierząt hodowlanych pod koniec lata, co mogło wiązać się z przygotowaniem zapasów na zimę.

Adaptacja mieszkańców do lokalnych warunków, a także ich praktyki konsumpcyjne, czynią to stanowisko szczególnie istotnym dla badań osadnictwa w epoce brązu w regionie Morza Bałtyckiego.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach grantu nr 2019/35/B/HS3/01441. Dziękujemy za wsparcie finansowe badań składu izotopowego strontu ($^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$) w zębach fok ze strony The Swedish Research Council, Vegacenter grant nr: 173.

Preliminary oxygen isotope study of arvicoline teeth from the Kraków Spadzista site

Alicja Wudarska^{1,2,*}, Maciej T. Krajcarz^{1,**}, Piotr Wojtal³, Jarosław Wilczyński³

¹ Institute of Geological Sciences, Polish Academy of Sciences, Warsaw

² GFZ Helmholtz Centre for Geosciences, Potsdam

³ Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Cracow

* Corresponding author: ndgiera@cyf-kr.edu.pl

** Presenting author: mkrajcarz@twarda.pan.pl

Paleoecological studies, particularly oxygen isotope analyses, of mammoth remains from the Upper Paleolithic site Kraków Spadzista, have provided information on the local climate during human occupation of the site, indicating particularly cold weather conditions (e.g., Pryor *et al.* 2013). Archaeological excavations in the region have also yielded abundant rodent fossil material; however, these remains cannot be analyzed using the same bulk instrumental techniques applied to mammoth teeth due to their small size. In this study, we tested whether secondary ion mass spectrometry (SIMS) could be used for *in situ* oxygen isotope ratio determinations in rodent enamel to complement research at Kraków Spadzista and similar sites. The enamel near the apical end was of particular interest for SIMS measurements. By analyzing this area, we aimed to reconstruct the climate conditions at the time of rodent's death, which should presumably overlap with the results yielded by mammoth investigations.

For this proof-of-concept study, two fossilized incisors from *Arvicolinae* mammals were selected. The samples were recovered from zone B1, layer 6 at depths of 230–240 cm (#2025) and 250–260 cm (#2445). Both specimens were mounted along with reference materials in the center of a 25.4-mm diameter acrylic disc using epoxy resin and polished. The $^{18}\text{O}/^{16}\text{O}$ and $^{16}\text{O}^1\text{H}/^{16}\text{O}$ ratios were determined using a CAMECA 1280-HR large geometry SIMS instrument at the GFZ Helmholtz Centre for Geosciences. The epoxy mount and SIMS pits were then documented using a motorized optical microscope and a white-light optical profilometer.

Preliminary results indicate that the enamel near the apical end is poorly mineralized and shows slight enrichment in water and/or organic components, as indicated by $^{16}\text{O}^1\text{H}/^{16}\text{O}$ ratios, compared to the well-mineralized tip. SIMS pits in this region are irregularly shaped and deeper, suggesting a different sputtering yield and softer material. Furthermore, a significant matrix effect was detected in the measurement results based on calculations of the sensitivity ratio (the ratio between counts per second of a major isotope (^{16}O) and the primary ion beam intensity, compared between enamel samples and the reference material). Because quantitative isotope ratio measurements using SIMS require a matrix-matched reference material, data collected near the apical end (sensitivity ratio <0.90) should be considered unreliable. The oxygen isotope data collected from well-mineralized enamel fragments, with mean $\delta^{18}\text{O}_{\text{VSMOW}}$ values of 14.1 ± 0.6 ‰ (1s) and 13.6 ± 0.3 ‰ (1s) for samples #2025 and #2445, respectively, suggest warmer climate conditions than those inferred from mammoth studies. Although SIMS proved unsuitable for analyzing poorly mineralized enamel fragments due to significant matrix effects, this work represents a first step toward understanding rodent tooth mineralization and warrants further investigation using other techniques such as infrared spectroscopy.

References:

Pryor A.J.E., O'Connell T.C., Wojtal P., Krzemińska A., Stevens, R.E., 2013. Investigating climate at the Upper Palaeolithic site of Kraków Spadzista Street (B), Poland, using oxygen isotopes. *Quaternary International*, 294, 108–119.

Preliminary genetic analyses of the saiga antelope (*Saiga tatarica*), a relic species from the Pleistocene

Aleksandra Żeromska^{1,2}, Mateusz Baca², Danijela Popović², Urszula Ratajczak-Skrzatek³, Krzysztof Stefaniak³, Adam Nadachowski⁴, Paula F. Campos⁵, Alexandru Petculescu⁶, Magdalena Krajcarz⁷, Oleksandr Kovalchuk³, Victoria Smagol⁸, Bogdan Ridush⁹, Paweł Mackiewicz¹

¹ Faculty of Biotechnology, University of Wrocław, Poland

² Centre of New Technologies, University of Warsaw, Poland

³ Institute of Environmental Biology, University of Wrocław, Poland

⁴ Institute of Systematics and Evolution of Animals, Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland

⁵ Centro Interdisciplinar de Investigação Marinha e Ambiental, Universidade do Porto, Matosinhos, Portugal

⁶ Emil Racoviță Institute of Speleology, Romanian Academy, Bucharest, Romania

⁷ Faculty of History, Nicolaus Copernicus University, Torun, Poland

⁸ National Museum of Natural History, NAS of Ukraine, Kyiv, Ukraine

⁹ Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi, Ukraine

The saiga antelope was a key component of the Pleistocene steppe–tundra faunal complex. Today, the species is critically endangered and survives only in a few isolated regions of Central Asia. However, during the Pleistocene, it had a vast range extending across Europe and Asia to North America. This wide spatial and temporal distribution led many authors to distinguish several morphological forms. Two forms are often recognized and assigned to the species rank as *Saiga borealis* and *S. tatarica*, or in the subspecies rank as *Saiga tatarica borealis* and *S. t. tatarica*. The former became extinct at the beginning of the Holocene, while the latter persists today. Comprehensive morphometric analyses of saiga cranial material across its entire distribution revealed that *S. borealis* was generally larger and more robust than *S. tatarica*. These significant morphological differences between Pleistocene and modern forms, as well as between some geographical subgroups, indicate that saiga populations underwent both temporal and spatial differentiation. However, analyses of ancient DNA did not reveal geographic structuring because samples from European and Asian excavation sites were mixed and clustered together in the phylogenetic tree. This pattern suggests extensive migration across Eurasia, with observed morphological differences likely reflecting local environmental and climatic influences. Notably, a distinct group was formed by the earliest-diverging Ukrainian lineages, while a monophyletic and separate cluster, nested within other Eurasian samples, was composed of specimens from Mongolia, representing *S. tatarica mongolica*. Radiocarbon dating of saiga remains indicates that the species was more abundant during the Pleistocene than in the Holocene, with a notable absence of dated samples during the coldest period between 33 and 36 ka BP. This work was supported by the National Science Centre Poland (Narodowe Centrum Nauki, Polska) under Grant no. 2020/37/B/NZ8/02595.