

Nr rejestracyjny: 2015/18/E/NZ8/00716; Kierownik projektu: dr Marcin Piwczyński

Modelowanie i przewidywanie ewolucji cech morfologicznych jest najważniejszym i dotychczas nierozwiniętym problemem w biologii ewolucyjnej. Głównym celem projektu jest przyczynienie się do lepszego zrozumienia wpływu architektury genetycznej na ewolucję cech. Zgodnie z teorią genetyki ilościowej, ewolucja cech zależy od siły działania doboru oraz od zmienności genetycznej. Jednak często zmienność może zostać związana przez korelacje między cechami. W konsekwencji potencjalna zdolność do ewolucji pod działaniem doboru może zostać ograniczona pomimo iż cecha posiada dużą zmienność. Jednak pozostaje otwarta kwestia jak silnym ograniczeniem jest architektura genetyczna - czy wpływa jedynie na ewolucję w krótkiej skali czasowej, a w dłuższej jest łatwo przełamywana, czy może jest ona istotnym długoterminowym determinantem kierunku ewolucji. W niniejszym projekcie chcemy odpowiedzieć na te pytania wykorzystując jako modelowy system dwa gatunki roślin z rodziny baldaszkowatych, marchew (*Daucus carota*) oraz zapalniczkę (*Ferula communis*). Oba badane gatunki różnią się wzorcami zmienności wewnątrzgatunkowej i rozmieszczeniem. Dzięki temu będziemy mogli przetestować czy nasza hipoteza może być uogólniona na organizmy o skrajnie różnych wzorcach dywergencji cech. W celu sprawdzenia czy obserwowana na poziomie międzypopulacyjnym zdolność do ewolucji badanych cech ma swoje odzwierciedlenie w historii grupy, do której należą oba badane gatunki, zamierzamy odpowiedzieć na pytanie czy cechy o wysokim potencjale ewolucyjnym posiadają także zdolność szybszej adaptacji do zmieniających się warunków. Analizy te zostaną przeprowadzone na wydatowanym drzewie pokrewieństwa (filogenezie) rodzaju *Daucus* (<10 mln lat), *Ferula* (<6 mln) oraz całego plemienia Scandiceae (<35 mln), do którego należą oba rodzaje. Pozwoli to na określenie ram czasowych, w których wpływ architektury genetycznej na ewolucję jest największy. Aby osiągnąć zamierzone cele, wykorzystamy w projekcie najnowsze techniki obliczeniowe oraz metody sekwencjonowania DNA.