

## POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Jednym z ważniejszych zadań stojących przed biologią ewolucyjną jest wyjaśnienie, w jaki sposób populacje różnicują się i utrzymują swoją odrębność pomimo przepływu genów. Interesującego przypadku dla badań nad tymi procesami dostarcza pszczoła miodna *Apis mellifera*. Po pierwsze, jest to gatunek o dobrze rozpoznanym genomie, co ułatwia dalsze analizy. Po drugie, w obrębie tego gatunku istnieje kilka wysoce odrębnych gałęzi ewolucyjnych, powstałych jako efekt dawnych migracji i izolacji w refugiach lodowcowych. Populacje pszczoł, które dzięki długotrwałej izolacji były na dobrej drodze do specjacji, od zakończenia epoki lodowcowej ponownie zetknęły się ze sobą na znacznych obszarach Europy, jednak – co ciekawe – nie uległy całkowitemu wymieszaniu, mimo, iż obserwuje się między nimi przepływ genów. Daje to w efekcie ciekawy układ eksperymentalny, w którym dostępne są zarówno formy wyjściowe, jak i ich mieszańce. Porównania ich genomów mogą ułatwić wyjaśnienie genetycznych podstaw ograniczeń dla swobodnego krzyżowania, a ponadto rzucić światło na działanie doboru różnicującego.

Badania zostaną wykonane na dużej próbie pszczoł zebranych na obszarze od północnej Polski po południowe Węgry. Genom każdego osobnika zostanie opisany przy pomocy metody GBS (ang. *Genotyping-by-Sequencing*, genotypowanie przez sekwencjonowanie). Metoda ta polega na odczytaniu licznych fragmentów genomu z wykorzystaniem nowoczesnej, wysoce wydajnej metody sekwencjonowania. Porównania fragmentów między osobnikami pozwolą ujawnić różnice między nimi polegające na zmianach pojedynczych nukleotydów (ang. *Single Nucleotide Polymorphism*, w skrócie SNP). Uzyskany potężny zestaw danych (dziesiątki tysięcy SNP) umożliwi przetestowanie szeregu hipotez.

Przede wszystkim, interesować nas będzie historia hybrydyzacji pszczoł w Środkowej Europie. Jest to obszar, na którym spotykają się dwie odmienne gałęzie ewolucyjne tego gatunku – do pierwszej z nich, występującej pierwotnie na północ od Karpat (określanej jako „M”) zalicza się pszczołę środkowoeuropejską *A. m. mellifera*, zaś druga, zasiedlająca tereny na południe od Karpat (określana jako „C”) obejmuje tzw. krainkę *A. m. carnica*. Dzięki badaniom będzie można określić historię demograficzną pszczoł w obszarze badań, tj. czas zetknięcia się form M i C, zmiany ich efektywnych wielkości populacji oraz kierunki przepływu genów między nimi. Obecnie uważa się, że na północ od Karpat występowały tylko pszczoły M, zaś pszczoły C zostały sprowadzone przez człowieka ze względu na ich walory użytkowe. Nie sposób jednak wykluczyć wcześniejszego, naturalnego przepływu genów między podgatunkami. Wykorzystując metodę określaną jako analiza koalescencji postaramy się odpowiedzieć na pytanie, kiedy w genomie M pojawiły się domieszki genów C i w jakim tempie postępuje proces włączania obcych genów (tzw. introgresji) do puli genowej populacji. Często uważa się, że pszczoły różnych podgatunków mogą się swobodnie krzyżować, jednak wyniki naszych wcześniejszych eksperymentów pokazują, że pszczoły kojarzą się raczej w obrębie własnych podgatunków, a zatem muszą istnieć między nimi bariery rozrodcze. Bariery takie mają zapewne podłoże genetyczne, które dotychczas nie jest znane. Zakładamy, że regiony genomu zawierające geny odpowiedzialne za izolację rozrodczą powinny wykazywać niższy poziom introgresji niż pozostałe jego fragmenty. Poprzez zbadanie natężenia introgresji wzdłuż genomu u mieszańców między M i C wskażemy geny odpowiedzialne za istnienie barier rozrodczych. Dowiemy się także dokładniej, jaki jest kierunek przepływu genów między pszczołami M i C oraz która płęć odpowiada za niego w większym stopniu. Dane z dotychczasowych badań wskazują, że mogą istnieć poważne różnice co do tempa przepływu genów z M do C i z C do M.

Kolejny zestaw problemów badawczych, które chcemy rozwiązać dzięki bogatemu zestawowi danych uzyskanych dzięki skanowaniu genomu metodą GBS to kwestie adaptacji do lokalnych warunków środowiska. Chcemy odpowiedzieć na pytanie, w jaki sposób pszczoły M i C różnią się pod względem genetycznym i czy dobór naturalny związany z odmiennymi presjami środowiska (np. klimatem) doprowadził w ich obrębie do ewolucji odmiennych wersji genów (alleli). Badając relacje pomiędzy częstościami alleli a czynnikami środowiska wskażemy geny odpowiedzialne za lokalne adaptacje u pszczoł. Przetestujemy także powiązania cech fenotypowych stosowanych do odróżniania różnych podgatunków pszczoł z markerami genetycznymi.

Wyniki badań wzbogacą wiedzę na temat ważnych zagadnień ewolucyjnych, w tym zwłaszcza na temat mechanizmów kształtowania się izolacji rozrodczej na wczesnych etapach powstawania gatunków. Jesteśmy przekonani, że zdobyta wiedza będzie miała także niemałe znaczenie praktyczne, gdyż pszczoła miodna należy do najważniejszych organizmów, tak dla przyrody, jak i gospodarki. Wyniki naszych badań wzmocnią naukowe podstawy hodowli pszczoł i ochrony ich zasobów genetycznych.