

Różnorodność świata ożywionego intryguje uczonych od setek lat. Dlaczego osobniki jednego gatunku różnią się od siebie? Dlaczego niektóre z nich są do siebie podobne? Jakie czynniki wpływają na zmienność obserwowaną w poszczególnych populacjach? Początkowo uczeni zajmowali się wyjaśnieniem tej zmienności na poziomie fenotypowym, badając te cechy organizmów, które można zobaczyć „gołym okiem” lub, nieco później, przy pomocy mikroskopu. Przełomowe odkrycie ubiegłego wieku, że osobniki różnią się między sobą również na poziomie sekwencji DNA, pozwoliło uczonym zadawać te same pytania na poziomie molekularnym i rozpoczęło kompletnie nową, dotąd nieznaną, erę badań. Na przestrzeni wielu lat odkryto, między innymi, że różnice w sekwencjach DNA między osobnikami mogą być neutralne, to znaczy bez wpływu na przeżywalność i rozrodczość osobnika, lub adaptacyjne, wpływające na to, jak, mówiąc potocznie, osobnik radzi sobie w życiu, jaką ma szansę przekazać swoje geny do kolejnych pokoleń. Zrozumiano również, że na zmienność sekwencji DNA wpływ mają czynniki demograficzne, takie jak np. drastyczne zmiany wielkości populacji spowodowane nagłymi zmianami środowiska (np. w czasie zlodowaceń, kiedy wiele osobników ginęło, a ta część, która przeżyła musiała szukać schronienia w tzw. refugiach). Pomimo dekad badań, wiele pytań dotyczących czynników wpływających na zmienność sekwencji DNA pozostaje jednak zagadką. Nie jest na przykład jasne, w jaki sposób nagłe i powtarzające się zmiany wielkości populacji wpływają na zmienność neutralną i adaptacyjną. Takie zmiany wielkości populacji obserwujemy, na przykład, u gatunków patogenów w czasie wybuchu nawracających epidemii lub u gatunków szkodników upraw i lasów, które wielokrotnie zwiększają swoją liczebność w czasie gradacji by, po jej zakończeniu, powrócić do swojej pierwotnej liczebności. Zrozumienie genetycznych konsekwencji takiej dynamiki jest w szczególności ważne, jeżeli pomyślimy o zmienności adaptacyjnej. Co się dzieje z wariantami genów, które są korzystne dla danego osobnika? Czy ewolucja przebiega w inny sposób w populacjach, które doświadczają nagłych i powtarzających się zmian wielkości, a w inny sposób w populacjach o stałej liczebności? Między innymi na te pytania zamierzam odpowiedzieć, używając kornika drukarza jako gatunku modelowego. Kornik drukarz jest jednym z najważniejszych szkodników lasów świerkowych. Jeżeli warunki środowiska są sprzyjające (np. burza powali wiele drzew) jego liczebność może nagle, masowo wzrosnąć i spowodować śmierć nawet tysięcy drzew w danym regionie. Takie gradacje kornika drukarza obserwuje się coraz częściej, szczególnie w południowej i środkowej Europie, w przeciwieństwie do północnej Europy, gdzie gradacje są wciąż dość rzadkie. W moich badaniach połączę istniejącą wiedzę dotyczącą biologii i ekologii kornika drukarza z analizą nowych, uzyskanych przeze mnie, danych genomowych. Sekwencje całych genomów z kilkuset osobników z kilkunastu populacji kornika drukarza przeanalizuję używając klasycznych, jak również nowo opracowanych, metod badawczych. Wyniki moich badań w istotny sposób przyczynią się do głębszego zrozumienia genetycznych konsekwencji gradacji, jak również pozwolą nam na lepsze zrozumienie dynamiki samego kornika drukarza, co potencjalnie, może pomóc w walce z tym ważnym szkodnikiem.