

**Tytuł: Genomiczne konsekwencje sztucznej introdukcji, ekspansji i zastąpienia populacji u trynidadzkiego gupika**

„Nikt nie jest idealny” – to zdanie dotyczy prawdopodobnie wszystkich organizmów żywych. W wyniku różnych procesów w genomach gromadzą się mutacje, które mogą mieć zarówno negatywny jak i pozytywny wpływ na dostosowanie danego osobnika. Od lat biologów ewolucyjnych pasjonują pytania o przyczyny gromadzenia się szkodliwych mutacji oraz o procesy ułatwiające gromadzenie się korzystnych wariantów.

Teoretyczne modele ewolucyjne sugerują, że szkodliwe mutacje mogą gromadzić się w populacji, która rozprzestrzeniła się i zasiedlała nowe terytoria. Taka ekspansja miała miejsce w przypadku naszych przodków, którzy wyszli z Afryki ok. 70 tys. lat temu i bardzo szybko zasiedlili ogromne terytoria Euroazji. Według tych modeli ewolucyjnych Europejczycy powinni posiadać więcej szkodliwych mutacji niż Afrykanie. Dane empiryczne nie dają nam jednak jednoznacznej odpowiedzi, czy tak faktycznie jest.

W niniejszym projekcie planuję przyjrzeć się bliżej procesowi potencjalnego gromadzenia się szkodliwych mutacji w rozprzestrzeniającej się populacji. Aby móc badać ten proces w czasie rzeczywistym, postanowiłem zbadać populację gupika (*Poecilia reticulata*), która 60 lat temu została sztucznie wprowadzona do jednej z rzek na Trynidadzie. Od tego czasu, populacja gwałtownie rosła i zasiedliła praktycznie cały obszar rzeki, tworząc ciekawy model do badania skutków ekspansji. Badając całe genomy ryb, będę chciał odpowiedzieć na pytanie, czy gromadzą one szkodliwe mutacje w wyniku ekspansji w sposób zgodny z modelami teoretycznymi zbudowanymi dla ludzkich populacji.

Drugie zagadnienie, które zamierzam eksplorować, dotyczy potencjału adaptacyjnego, czyli możliwości gromadzenia się korzystnych mutacji. Ten potencjał może być związany z krzyżowaniem się blisko spokrewnionych ze sobą gatunków. Posługując się znowu analogią do historii populacji ludzkiej – taki proces miał miejsce gdy współczesny człowiek zasiedlał nowe terytoria, spotykając na nich Neandertalczyków. Udowodniono, że współcześni ludzie i Neandertalczyki krzyżowali się, a w naszych genomach cały czas obecne są geny pochodzące od Neandertalczyków. Możliwe, że geny te były korzystne dla naszych przodków i dlatego zachowały się w naszym genomie.

Populacje gupika stanowią dobry model do badania również takich procesów. We wspomnianej rzece, w której rozprzestrzeniła się wprowadzony sztucznie gupik, żyły wcześniej osobniki blisko spokrewnionego z nim gatunku. Oba gatunki mogą się krzyżować i produkować płodne potomstwo. Otwartym pozostaje pytanie na ile swobodnie geny mogą przepływać pomiędzy tymi gatunkami i czy może być to związane z wbudowywaniem w pulę genetyczną korzystnych mutacji. Analizując genomy badanych organizmów będę chciał odpowiedzieć na te pytania.

Badając introdukowaną populację trynidadzkiego gupika będę chciał przyczynić się do zrozumienia podstawowych procesów ewolucyjnych, które mogły mieć kluczowe znaczenie dla ewolucji wielu populacji, w tym ewolucji populacji ludzkiej.