

## **Analiza zmian mikro-ewolucyjnych w genomie gospodarza w odpowiedzi na wielokrotne infekcje wirusowe u dzikich zwierząt**

Perspektywa nasilających się antropogenicznych zmian środowiskowych rodzi obawy odnośnie pojawienia się nowych chorób zakaźnych w wyniku zmian klimatu lub działalności ludzkiej. Do zrozumienia wpływu tych nowych chorób na populacje dzikich zwierząt konieczne jest poznanie genetycznych mechanizmów umożliwiających szybką adaptację dzikich populacji do zmieniającego się środowiska. Chociaż istnieją różne teoretyczne modele tego procesu, do ich zweryfikowania wciąż brakuje solidnych danych empirycznych pochodzących od dziko-żyjących populacji. Idealnie, teoretyczne modele powinny być testowane przy użyciu danych genomicznych dla próbek DNA zebranych w czasie gdy populacje były narażone na zakażenie nowym patogenem.

Tego rodzaju materiały są trudno dostępne, gdyż zgromadzenie próbek DNA reprezentujących zmiany w populacji przez wystarczająco długi okres czasu jest bardzo trudne, szczególnie w przypadku bardzo mobilnych i trudnych do obserwacji zwierząt. Ten projekt będzie wykorzystywał archiwum próbek śródziemnomorskiej populacji delfinka pręgobokiego (*Stenella coeruleoalba*) w celu zbadania zmian różnorodności genetycznej w skali całego genomu w ciągu 20 lat, przy użyciu nowoczesnych technologii analizy genomów. Wykorzystywane archiwum zawiera próbki z niemal każdego roku z 20-letniego okresu, w ciągu którego ta populacja doświadczyła wielokrotnych epidemii śmiertelnego wirusa morbillivirus, filogenetycznie bliskiego wirusowi odry u ludzi i wirusowi nosówki u psów.

Wstępne wyniki dla dwóch genów związanych z układem odpornościowym sugerują rosnące dostosowanie populacji gospodarza do patogenu w ciągu badanego okresu. Ten system gospodarz-patogen stanowi zatem wyjątkowy naturalny model do badania adaptacji do patogenów w populacjach dzikich zwierząt. Ponieważ zakażenie morbillivirusem jest zazwyczaj powiązane z innymi infekcjami (takimi jak *Toxoplasma*), do zrozumienia procesu adaptacji gospodarza do nowego patogenu potrzebna jest wszechstronna analiza genów układu odpornościowego.

W tym celu zsekwencjonowane zostaną wszystkie znane geny związane z układem odpornościowym, co pozwoli na bezpośrednie porównanie między zmianami genetycznymi obserwowanymi w ciągu 20 lat a ich potencjalną rolą we wzmacnianiu odporności na wirusa. Dla porównania zostanie również zbadana zmienność fragmentów genomu, które nie pełnią żadnej funkcji, przy użyciu metody, która generuje sekwencje niewielkich fragmentów DNA losowo wybranych z całego genomu. Te dane pozwolą na ocenę wpływu innych potencjalnych czynników genetycznych, takich jak spadek zmienności genetycznej w wyniku krzyżowania wsobnego.

Ten projekt stanowi wyzwanie pod względem technicznym, lecz obiecuje znaczny postęp w zrozumieniu mechanizmów adaptacji na poziomie molekularnym, który nie byłby możliwy do osiągnięcia bez długoterminowej, obszernej kolekcji próbek z tej dziko-żyjącej populacji. Proponowane badania pozwolą na zweryfikowanie teoretycznych modeli przy użyciu danych z naturalnego systemu gospodarz-patogen, przyczyniając się w ten sposób do dopracowania i udoskonalenia tych modeli. Ponieważ nowe choroby zakaźne są często przekazywane między dzikimi a domowymi zwierzętami, wyniki proponowanych badań mogą stymulować dalsze badania dotyczące wpływu nowych chorób zakaźnych na zagrożone gatunki dzikich zwierząt oraz na zdrowie zwierząt domowych.