

Rola hybrydyzacji w odpowiedzi ewolucyjnej na zmiany środowiskowe: Ustanowienie rodzaju *Canis* jako idealnego modelu

Dychotomia między psem domowym a wilkiem – „najlepszym przyjacielem człowieka” w porównaniu z bajkowym złoczyńcą – odzwierciedla ludzką percepcję odrębności świata zmodyfikowanego przez człowieka od świata natury. Jednak przestrzeń między psem a wilkiem nie jest i nigdy nie była pusta. Niedawne badania wnioskodawcy wykazały, że ponad 60% wilków w Eurazji ma w swoich genomach niewielkie fragmenty DNA pochodzące z hybrydyzacji wcześniejszych pokoleń wilków z psami. Mieszance wilka i psa są płodne i mogą się krzyżować z osobnikami z populacji obu rodziców, co powoduje zachowywanie wariantów genetycznych pochodzących z hybrydyzacji w pulach genowych wilków i psów – proces zwany introgresją. Niedawne badania oparte na analizach kompletnych genomów pokazały, że introgresja odegrała bardzo ważną i złożoną rolę w ewolucji, wpływając na wiele gatunków zwierząt i roślin. Introgresja może prowadzić do obniżonego dostosowania mieszańców, lub nawet do wyginięcia gatunku poprzez „genetyczne rozmywanie” – stopniowy wzrost frekwencji wariantów genetycznych pochodzących od innego gatunku, aż rodzime warianty znikną z puli genowej. Jednak w pewnych okolicznościach wymiana wariantów genetycznych między gatunkami lub podgatunkami może pomóc im w dostosowaniu się do szybkich zmian środowiskowych. Z tego względu, zdolność przewidywania konsekwencji introgresji ma kluczowe znaczenie dla skutecznej mitygacji wpływu współczesnych zmian klimatu na dzikie zwierzęta. Jednak czynniki determinujące korzyści z hybrydyzacji oraz jej koszty są w dużej mierze nieznane i trudne do zbadania w przypadkach, gdy krzyżujące się gatunki są podobne fenotypowo i ekologicznie.

Celem planowanych badań jest ustanowienie rodzaju *Canis* (do którego należą wilki, psy, kojoty, szakale złociste i inne pokrewne gatunki) jako systemu modelowego do badań nad rolą hybrydyzacji w odpowiedzi ewolucyjnej na zmiany środowiskowe. Zaletą rodzaju *Canis* jest to, że wszyscy jego przedstawiciele – od szczytowych drapieżników silnie dotkniętych zmianami antropogenicznymi po psy domowe, które są dostosowane do życia w ekosystemach zdominowanych przez ludzi – mogą się naturalnie krzyżować mimo ich ogromnego zróżnicowania morfologicznego i behawioralnego. To wyjątkowo duże zróżnicowanie jest przyczyną postrzeganej dychotomii między psami a ich dzikimi krewnymi, w wyniku której rzadko są one badane razem, z wyjątkiem badań nad udomowieniem psów. Planowany projekt będzie wspólnie analizować zmienność genomów dzikich i udomowionych psowatych traktowanych jako jeden system modelowy, wykorzystując ich wyjątkową różnorodność fenotypową jako kluczową cechę, która ułatwia nam zrozumienie procesu hybrydyzacji. W szczególności planujemy zająć się słabo zbadanym tematem wpływu hybrydyzacji na dziedziczne cechy behawioralne. Rodzaj *Canis* jest idealny do tego celu, dzięki dużemu zróżnicowaniu zachowań między psami a ich dzikimi krewnymi oraz dzięki rozległej wiedzy na ten temat.

Proponowane badania będą poszukiwać odpowiedzi na ważne pytania dotyczące procesu introgresyjnej hybrydyzacji: Jakie czynniki wpływają na tempo introgresji wariantów pochodzących z hybrydyzacji? W jakich okolicznościach korzyści z hybrydyzacji są wyższe niż jej koszty? Czy to zależy od ewolucyjnej odległości między krzyżującymi się taksonami? Jakie są funkcje genów, których warianty pochodzące z hybrydyzacji są pod wpływem doboru pozytywnego? Czy są one związane z lokalnymi adaptacjami środowiskowymi czy też z globalnymi korzyściami dla wszystkich krzyżujących się taksonów? Czy populacje dzikich przedstawicieli rodzaju *Canis* żyjące w środowiskach zdominowanych przez ludzi mają wyższe proporcje wariantów genetycznych pochodzących od psów w porównaniu populacjami z mniej przekształconych środowisk? Jak hybrydyzacja z psami wpływa na cechy behawioralne dzikich psowatych?

Planowany projekt zajmie się tymi oraz podobnymi pytaniami, stosując połączenie nowoczesnych metod genomiki, analiz środowiskowych wykorzystujących Systemy Informacji Geograficznej oraz modelowania wpływu struktury krajobrazu na proces introgresji. Badania będą oparte na ponad tysiącu próbek wilków, szakali złocistych i wolno-żyjących psów, pochodzących z trzech kontynentów, które będą analizowane przy użyciu wysokoprzepustowych technik sekwencjonowania genomów i nowych analitycznych metod wykrywania introgresji w oparciu o zmienność w obrębie genomów oraz identyfikacji czynników środowiskowych wpływających na introgresję. Połączenie tych nowoczesnych metod z doskonałym modelem empirycznym umożliwi znaczny postęp w wiedzy o roli hybrydyzacji w ewolucji, pozwalając na zdefiniowanie okoliczności, w których hybrydyzacja może stanowić proces adaptacyjny oraz takich, w których należy jej zapobiegać jako zagrożeniu dla gatunku. Wyniki te dostarczą wytycznych dla strategii zarządzania i przepisów prawnych dla coraz częściej spotykanych populacji mieszańcowych.

Projekt ten umożliwi utworzenie nowego zespołu naukowego przez doświadczoną badaczkę, która powróciła niedawno do Polski po 12 latach pracy w Wielkiej Brytanii. Projekt pozwoli umocnić jej pozycję jako uznanego na arenie międzynarodowej eksperta w dziedzinie genetyki psowatych, umożliwi szkolenie naukowców na wczesnych etapach kariery w zakresie najnowszych metod genomiki ewolucyjnej, bioinformatyki i genetyki krajobrazu, a także rozbudowanie zasobów bioinformatycznych w instytucji goszczącej (Muzeum i Instytut Zoologii Polskiej Akademii Nauk), które umożliwią pełne wykorzystanie istniejącego nowoczesnego sprzętu do sekwencjonowania nowej generacji.