

Rola procesów epigenetycznych w adaptacji do środowiska lądowego wczesnych roślin lądowych

Jednym z najbardziej znaczących wydarzeń w historii Ziemi, o ogromnych konsekwencjach dla ewolucji organizmów i ekosystemów, była kolonizacja środowisk lądowych przez rośliny - 470 milionów lat temu. Przejście z życia wodnego na lądowe wiązało się z ewolucją szeregu wyspecjalizowanych komórek, tkanek i narządów niezbędnych do przeżycia i rozmnażania. Adaptacje roślin do życia na lądzie obejmują rozwój wielu struktur - wodoodporny naskórek, szparki do regulacji parowania wody, wyspecjalizowane komórki zapewniające sztywne wsparcie przeciw grawitacji, wyspecjalizowane struktury do gromadzenia światła słonecznego, przemiana pokoleń haploidalnych i diploidalnych, narządów płciowych, wielokomórkowy zarodek chroniony przez tkankę rodzicielską, układ transportu naczyniowego oraz ryzoidy, korzenie i włosniki niezbędne do wchłaniania składników odżywczych i zakotwiczenia w podłożu. Regulacja ekspresji genów ma także zasadnicze znaczenie dla ewolucji różnorodności morfologicznej, w tym ustanowienia i kontynuacji programów rozwojowych związanych z przystosowaniem roślin do życia na lądzie. Nasza wiedza na temat mechanizmów genetycznych i molekularnych leżących u podstaw różnorodności morfologicznej i adaptacji roślin do gleby pozostaje jednak ograniczona.

Mszaki (wątrobowce, mchy i glewiki) to najwcześniej rozbieżne linie roślin lądowych. Dane kopalne i dowody eksperymentalne silnie sugerują, że wątrobowce są jednymi z pierwszych roślin, które skolonizowały środowiska lądowe, i dlatego zostały one uznane za żywe laboratoria, w których odczytuje się adaptację morfologiczną związaną z przejściem do życia na lądzie. Do tej pory znanych jest tylko kilka gatunków wątrobowców posiadających zdolność do życia zarówno w środowisku wodnym, jak i lądowym, dzięki czemu są idealnymi obiektami do badania adaptacji na poziomie morfologicznym i molekularnym. U niektórych gatunków wątrobowców formy wodne i lądowe występują w jednej populacji, co sugeruje, że adaptacja do środowiska wodnego i lądowego jest spowodowana różnicami w ekspresji i czynnikami epigenetycznymi, takimi jak edycja RNA i metylacja DNA. Proces edycji RNA jest często uważany za ważny czynnik podczas wczesnych etapów kolonizacji środowisk lądowych, ograniczającym wpływ mutagennego promieniowania UV i przywracając pierwotną sekwencję transkryptów mRNA. Wstępne badania ujawniają także różnice w ilości metylowanego DNA, co może prowadzić do odmiennego obrazu transkryptomów osobników żyjących w środowisku wodnym i lądowym. Badania porównawcze dotyczące zmian w ekspresji genów, edycji RNA i metylacji DNA mogą wskazać geny, które odgrywają główną rolę we wczesnych stadiach kolonizacji środowisk lądowych. Głównym celem tego projektu jest lepsze zrozumienie procesów leżących u podstaw wczesnych etapów adaptacji do środowisk lądowych, które mogą pojawić się przed ewolucją wyspecjalizowanych komórek, tkanek i narządów. Analizy zostaną przeprowadzone na sześciu typowych wątrobowcach reprezentujących trzy główne linie ewolucyjne: plechowate złożone (*Marchantia polymorpha* i *Riccia fluitans*), plechowate proste (*Aneura pinguis* i *Pellia endiviifolia*) oraz liściaste (*Calypogeia neesiana* i *Scapania undulata*). Wszystkie te gatunki występują w środowisku naturalnym zarówno w wodnych, jak i lądowych mikrosiedliskach, czasem nawet te formy rosną sympatycznie (*Aneura pinguis*, *Pellia endiviifolia*). Najnowocześniejsze metody molekularne, w tym sekwencjonowanie genomów, transkryptomów i metylomów pojedynczych osobników, ujawnią obraz molekularny procesu przejścia woda-ziemia podczas pojedynczej generacji rośliny. Porównanie uzyskanych wyników dla różnych linii ewolucyjnych wątrobowców pozwoli zidentyfikować zestaw genów, na które wpływa zmiana siedliska, a które są zarazem wspólne dla wszystkich wątrobowców. Wreszcie, wynik tego projektu pozwoli nam lepiej zrozumieć początkowe etapy kolonizacji środowisk lądowych przez rośliny.