

Zrozumienie mechanizmów ewolucyjnych odpowiedzialnych za powstanie rozmieszczenia dysjunktywnego u organizmów jest nadal jednym z głównych celów współczesnej biogeografii. Szczególnie dobrym modelem do takich badań są szeroko rozprzestrzenione organizmy symbiotyczne. Międzykontynentalne (dysjunktywne) zasięgi organizmów mogą powstać albo w wyniku oddzielenia się od uprzednio jednorodnych populacji, albo poprzez rozprzestrzenianie się na duże odległości. W świetle definicji symbiozy de Bary'ego, grzyby tworzące porosty (mykobionty) wraz z fototroficznymi partnerami (glony lub cyjanobakterie) są przykładem mutualistycznej symbiozy i tworzą idealny model do badań ewolucyjnych, ekologicznych lub biogeograficznych. Porosty będące obiektem tego projektu, są nieodzownymi składnikami niemal każdego ekosystemu na świecie, w tym również zawierają gatunki zdolne do przeprowadzenia pełnego cyklu życiowego w siedliskach wodnych. Są one również bardzo wrażliwe na zmiany środowiskowe i klimatyczne wywoływane przez człowieka. Z drugiej strony wiem, że globalny wpływ zmian klimatu na lodowce jest dramatyczny i, że topnienie i cofanie się pokrywy lodowej sięgnęło już 54% od 1850 r., a dodatkowo połączone jest z regularnym spadkiem rocznych opadów śniegu. W ramach projektu podjęta zostanie próba zastosowania szeroko rozmieszczonych słodkowodnych mikroorganizmów symbiotycznych, jako modelu do badania mających na celu wyjaśnienie historycznych mechanizmów odpowiedzialnych za powstanie dysjunkcji międzykontynentalnej, jak również potencjalnego wpływu zmiany klimatycznych na zbiorowiska porostów na przedpolach lodowcowych. Postęp w technologii sekwencjonowania nowej generacji daje możliwości przeprowadzenia wiarygodnych, genetycznych badań populacyjnych na mikroorganizmach, takich jak słodkowodne porosty. Innowacyjnym podejściem i zaletą tego projektu jest zastosowanie metod sekwencjonowania metagenomicznego w badaniach filogeograficznych symbioz porostowych. Metagenomika to nowoczesna technologia szeroko stosowana do badań zmienności genetycznej i dywergencji u naturalnych populacji w skali całego genomu, która może być stosowana w do badań dużej liczby osobników lub populacji. Metoda ta jest ostatnio szeroko stosowana do analiz zbiorowisk mikroorganizmów, zapewniając najlepszą kombinację długości odczytu, niskich kosztów i wysokiej jakości informacji w porównaniu z tradycyjnymi metodami sekwencjonowania.