

Żubr to gatunek o wyjątkowej historii demograficznej. W latach dwudziestych XX wieku żubry przetrwały dramatycznie gwałtowny spadek liczebności. Wszystkie współczesne żubry białowieskie wywodzą się ze skromnej grupy 7 założycieli. Zaledwie dwoje z nich przekazało współczesnej populacji aż 80% całej puli genowej. Wynikiem tego jest wyjątkowo niska zmienność genetyczna i bardzo wysoki poziom chowu wsobnego (inbrodu), sięgający 75%. Oznacza to, że 75% DNA każdego żubra nie wykazuje zmienności genetycznej ze względu na spokrewnienie rodziców.

Potencjalne, zwykle niekorzystne objawy depresji inbredowej zostały u żubrów powiązane z budową szkieletu. Uważa się, że szybki wzrost inbrodu (wynikającego ze spokrewnienia przodków) u żubrów musiał wpływać na morfometrię czaszek, podobnie jak ma to miejsce u innych zwierząt. Rozwój technik genomowych umożliwia precyzyjne obliczanie poziomu inbrodu z zastosowaniem markerów genomowych o wysokiej upakowaniu w genomie (SNP). Taki zestaw ponad 700 000 markerów zostanie zastosowany w niniejszym projekcie. Pozwoli to na stosunkowo dokładne obliczenie poziomu inbrodu (wsobności).

Projekt zostanie wykonany na setkach współczesnych i historycznych żubrów. Czaszki i tkanki będą pochodzić ze zbiorów Instytutu Biologii Ssaków PAN w Białowieży oraz innych kolekcji, w większości zagranicznych, posiadających liczne czaszki żubra sprzed obniżenia liczebności gatunku. Wykorzystamy skanów 3D czaszek z europejskich kolekcji i muzeów i zestawimy je z informacjami o poziomie inbrodu opartymi o informacje uzyskane z pomocą markerów SNP.

Projekt ten umożliwi oszacowanie rzeczywistego wpływu ekstremalnego poziomu inbrodu na zmiany budowy czaszki na przestrzeni kilkuset lat, poprzez powiązanie danych genomowych i morfometrycznych jednego z najbardziej wsobnych ssaków – żubra.

Badania będą realizowane na 2 poziomach:

Morfometria - skanowanie 3D ok. 600 czaszek – historycznych i współczesnych z Instytutu Biologii Ssaków PAN w Białowieży oraz innych kolekcji zagranicznych.

Analizy genomu - na podstawie zestawu bydlęcych markerów SNP o dużym zagęszczeniu:

Przeanalizowanych zostanie 350 genomów czaszek z badań, zarówno współczesnych, jak i historycznych. Na podstawie uzyskanych danych obliczymy rzeczywisty poziom inbrodu oraz opiszemy powiązania (asocjacje) genotyp – fenotyp. Pozwoli to stwierdzić czy i w jakim stopniu rosnący poziom inbrodu kształtował czaszki żubrów.

Badania wstępne przeprowadzone na czaszkach żubrów z kolekcji IBS PAN pozwoliły stwierdzić obiecującą zmienność morfometryczną tego gatunku.

Połączenie analizy morfometrycznej czaszek ze szczegółowymi informacjami genomowymi tych samych osobników daje rzadką okazję do prześledzenia, w jaki sposób rosnący inbred wpłynął na konformację czaszki żubra. Ponieważ będziemy używać czaszek w różnym wieku, uzyskane informacje prześledzą nie tylko zmiany w kształcie chowu wsobnego, ale także zmiany rozwojowe czaszek żubrów.

Informacje dostarczone z setek pomiarów czaszek żubrów i analiz genomowych pozwolą odpowiedzieć na następujące pytania:

1. Czy czaszka żubra zmieniła się w czasie?
2. Czy rosnący poziom inbrodu żubra spowodował zmiany w budowie czaszki?
3. Jeśli tak, to w jaki sposób podwyższony inbred wpłynął na rozwój czaszek żubrów?