

Świat ożywiony składa się z niesamowitej liczby gatunków często zamieszkujących w gwałtownie zmieniających się warunkach środowiska. Dotyczy to zarówno zmian pogodowych zachodzących na przestrzeni roku jak i szybko postępujących zmian klimatycznych. Łatwo można sobie wyobrazić, że populacje zamieszkujące dany obszar muszą się nieustannie przystosowywać do zmieniającego się środowiska. Ta prosta obserwacja rodzi podstawowe pytanie o możliwość i sposoby adaptacji gatunków do zmieniającego się otoczenia. Szybkie, obserwowane na przestrzeni zaledwie kilku -kilkunastu lat, zmiany różnych kluczowych cech fenotypowych, nie są niczym nowym i zostały zaobserwowane przez badaczy wielokrotnie. Dobrym przykładem jest zmiana ubarwienia skrzydeł ćmy krępaka brzoźowego w Anglii. Początkowo większość ciem posiadała skrzydła jasne, które dawały dobry kamuflaż na jasnej korze drzew, jednak w czasie rewolucji przemysłowej wiele drzew pokryło się ciemną sadzą co spowodowało wzrost częstości formy ciemnej, która znacznie lepiej ukrywała się na takiej korze przed drapieżnikami. Jednakże, pomimo licznych przykładów zmian cech na poziomie fenotypowym, powiązanie ich ze zmianami zachodzącymi na poziomie genomu okazało się znacznie trudniejsze. Część związanych z tym trudności wynika z faktu, że na dużą zmianę (np. ubarwienia czy zachowania) często wpływają niewielkie, i co za tym idzie trudne do wychwycenia przy użyciu tradycyjnych metod, zmiany w wielu genach. Jednakże, ostatnie badania pokazują, że możemy przezwyciężyć ten problem poprzez połączenie nowych metod statystycznych, odpowiednich danych pobieranych na przestrzeni wielu lat oraz sekwencjonowania genomowego. Te nowe możliwości pozwalają rzucić zupełnie nowe światło na wiele zagadnień dotyczących adaptacji i ich genetycznego podłoża. Czy populacje są w stanie ciągle przystosowywać się do szybko zmieniających warunków środowiska? Jeśli tak, to jak wygląda taka zmiana na poziomie ich genomu? Co się dzieje w genomie w przypadku presji środowiska, która jest zmienna w czasie i przestrzeni? Jak wiele pozycji w genomie odpowiada na takie zmiany i czy istnieją szczególne miejsca w genomie, które ułatwiają szybka adaptacje? Ostatnie pytanie jest w szczególności ważne w kontekście nowych badań pokazujących, że inwersje (mutacje odwracające kolejność genów na dużym odcinku genomu) mogą mieć kluczowe znaczenie w czasie szybkiej adaptacji. Głównym celem mojego projektu jest próba odpowiedzi na powyższe pytania używając kornika drukarza jako gatunku modelowego. Kornik drukarz jest jednym z najbardziej agresywnych szkodników lasów, a wiele jego cech sprawia, że jest bardzo dobrym kandydatem do badania szybkiej adaptacji na poziomie genomu. Kornik ten żyje na dużym obszarze Europy w środowisku z wyraźnymi porami roku, a globalne zmiany klimatu sprawiają, że coraz częściej dochodzi do jego masowych gradacji, co z dużym prawdopodobieństwem wystawia go na zmienną i silną presję selekcyjną. Ponadto, moje niedawne badania pokazały, że genom kornika składa się w dużej mierze z wielu polimorficznych inwersji potencjalnie odgrywających ważną rolę w jego adaptacji. Ponadto, dzięki współpracy z biologami monitorującymi kornika drukarza od wielu lat, mam dostęp do prób obejmujących wiele lat co pozwala na badanie zmian genetycznych w czasie. Wyniki moich badań w istotny sposób przyczynią się do głębszego zrozumienia zjawiska szybkiej odpowiedzi adaptacyjnej, jej podłoża genetycznego, jak również pozwolą nam na lepsze poznanie adaptacji samego kornika drukarza, co potencjalnie, może pomóc w walce z tym ważnym szkodnikiem.