

Czy można zjeść ciastko i je mieć? Teoria (i zdrowy rozsądek) mówią nam, że nie, przynajmniej jeśli chodzi o rozmnażanie. Z jednej strony rozmnażanie bezpłciowe ma wyraźne zalety, takie jak brak kosztów produkcji samców (które nie produkują potomstwa, więc lepiej jest produkować tylko córki, które mogą produkować więcej córek), brak ryzyka związanego z kojarzeniem (koszty czasu związane z poszukiwaniem partnera, potencjalne obrażenia w walkach o partnera, zwiększone ryzyko drapieżnictwa z powodu ekstrawaganckich ornamentów płciowych i w trakcie samego aktu kopulacji, chorób przenoszonych drogą płciową itp.) oraz większy potencjał rozprzestrzeniania się (pojedyncza samica wystarcza do skolonizowania nowego środowiska). Z drugiej strony, teoria przewiduje, że linie płciowe powinny być bardziej trwałe w ewolucyjnych skalach czasowych niż linie bezpłciowe, ponieważ uważa się, że rekombinacja (mieszanie genów rodzicielskich, gdy plemnik i jajo łączą się w zygotę) i dobór płciowy (proces ewolucyjny, w którym zwykle samce konkurują o samice i tylko niektóre są w stanie spłodzić potomstwo) ułatwiają zarówno rozprzestrzenianie się dobrych genów w populacjach, jak i usuwanie złych genów. Dlatego oczekuje się, że porzucenie rozmnażania płciowego ze wszystkimi jego wadami, nawet jeśli początkowo może być korzystne, nieuchronnie prowadzi do akumulacji złych mutacji, co skutkuje wyginięciem linii bezpłciowych. W związku z tym przewidziano i zaobserwowano, że linie bezpłciowe stanowią krótkotrwałe gałęzi na filogenetycznym drzewie życia, rozproszone wśród starych, dużych i szeroko rozprzestrzenionych gałęzi linii rozmnażających się płciowo. Co ważne, istnieją jednak godne uwagi wyjątki od tego wzorca, takie jak wrotki bdelloidalne lub roztocza oribatidowe, często określane jako "ewolucyjne skandale" właśnie dlatego, że ich istnienie koliduje z naszym rozumieniem ewolucji. Innymi słowy, pytanie brzmi: dlaczego niektóre bezpłciowe linie są w stanie przetrwać przez długi czas ewolucji, podczas gdy większość z nich wydaje się być ewolucyjnymi ślepyimi zaułkami? Czy są to przykłady sytuacji, w których można zjeść ciastko i mieć ciastko, tj. czerpać korzyści zarówno z cech rozmnażania bezpłciowego, jak i płciowego, bez wytwarzania samców i ponoszenia wszystkich związanych z tym kosztów? Do niedawna nie było narzędzi, które pozwoliłyby na wiarygodne przetestowanie, czy starożytne bezpłciowce mogą genetycznie kompensować brak samców przez nieznanne sposoby rekombinacji lub horyzontalny transfer genów od niespokrewnionych organizmów.

Dlatego proponuję wielkoskalowy projekt, który wykorzystuje najnowocześniejszą metodologię sekwencjonowania genomu i analizy niesporczaków, słabo zbadanej grupy zwierząt znanej szerszej publiczności dzięki ich uroczemu wyglądowi i zdolnościom do wytrzymywania ekstremalnych warunków środowiskowych (nawet przestrzeni kosmicznej), aby sprawdzić, czy starożytni bezpłciowcy znaleźli sposób na obejście kosztów utraty płci przy jednoczesnym czerpaniu korzyści z rozmnażania klonalnego. Aby to osiągnąć, wykorzystamy dwie grupy niesporczaków: wśród jednej z nich nigdy nie znaleziono samców, więc są one uważane za starożytne bezpłciowce, natomiast druga grupa obejmuje mieszkankę gatunków płciowych i partenogenetycznych (bepłciowych), co wskazuje, że bezpłciowość w tej grupie jest niedawna i ewoluowała niezależnie wiele razy. Główną hipotezą, która ma zostać przetestowana w ramach projektu, jest to, że starożytne bezpłciowce były w stanie przetrwać, ponieważ kompensowały utratę samców za pomocą innych środków rekombinacji genetycznej. Przewiduje się zatem, że starożytne bezpłciowce wykazują genomowe oznaki rekombinacji, podczas gdy młodsze linie bezpłciowe takich oznak nie posiadają. W ten sposób projekt zapewni pierwszą na dużą skalę, systematyczną analizę porównawczą architektury genomowej starożytnych i niedawnych bezpłciowców i może pomóc nam zrozumieć, dlaczego rozmnażanie płciowe jak i bezpłciowe współistnieje w świecie organizmów żywych. Co ważne, dzięki bardzo niedawnym postępom w sekwencjonowaniu genomów mikroskopijnych zwierząt (które mają małe ilości DNA), genomy niesporczaków zostaną uzyskane od pojedynczych osobników (do tej pory bardzo niewiele dostępnych genomów niesporczaków uzyskano z grup tysięcy osobników, aby zapewnić wystarczającą ilość DNA do analizy).

Oprócz głównego celu, projekt zaowocuje również pierwszym eksperymentalnym oszacowaniem szybkości mutacji u niesporczaków i pierwszą filogenezą niesporczaków opartą na genomach. Wreszcie, duża liczba danych genetycznych zebranych w projekcie przełoży się na badanie bioróżnorodności niesporczaków o niespotykanej dotąd rozdzielczości geograficznej i taksonomicznej oraz dokładności, co będzie stanowiło ważną informację z punktu widzenia ochrony przyrody i będzie solidnym punktem odniesienia do monitorowania przyszłych zmian w zbiorowiskach mikrometazoanów, co ma szczególne znaczenie w obliczu obecnego kryzysu bioróżnorodności.