

**P. Koteja i inni: Eksperymentalna ewolucja adaptacji fizjologicznych i behawioralnych u nornicy rudej: podłoże molekularne i symbiotyczne bakterie układu pokarmowego**

**Popularnonaukowe streszczenie projektu**

Jednym z głównych wyzwań w biologii jest wyjaśnienie ewolucji złożonych adaptacji, umożliwiających realizację zadziwiająco różnorodnych „stylów życia”. Nawet w tak blisko spokrewnionej grupie zwierząt jak ssaki, są gatunki reprezentujące skrajnie różne style życia: ogromne wieloryby całkowicie związane ze środowiskiem wodnym, 10 milionów razy mniejsze ryjówki spędzające większość czasu pod ziemią, latające nietoperze, nieruchawe roślinożerne leniwce, rozpędzające się do 100 km/g drapieżne gepardy – by wymienić tylko kilka przykładów. Biologia porównawcza wykorzystuje tę różnorodność do prób wyjaśniania zarówno biologicznego „sensu” jak i procesu ewolucji takich złożonych adaptacji, poprzez badanie wzorców zależności między charakterystykami budowy ciała, funkcjonowania narządów, sposobami odżywiania i środowiska życia. Nasz program badawczy opiera się na odmiennym – a wręcz odwrotnym – podejściu: „ewolucji eksperymentalnej”. Zamiast próbować wyjaśniać zmienność między gatunkami ukształtowaną przez miliony lat ewolucji, tworzymy własną – ale w kontrolowanych warunkach laboratoryjnych. Dzięki temu możemy się dowiedzieć jakie są skutki działania selekcji na konkretne cechy albo w konkretnych warunkach.

W naszym unikatowym eksperymencie, prowadzonym na nie-laboratoryjnym gryzoniu, nornicy rudej (*Myodes glareolus*), symulujemy przebieg ewolucji w trzech kierunkach, które odegrały ważną rolę w ewolucji ssaków: zdolności do uzyskiwania wysokiego wysiłkowego metabolizmu tlenowego („Aerobic”), skłonności do zachowań drapieżniczych („Predatory”) i poprawionej zdolności do odżywiania się pokarmem roślinnym („Herbivorous”). Jak w każdym poprawnym eksperymencie, mamy też kontrolę – zwierzęta nie poddawane zamierzonej selekcji („Control”). Bardzo ważnym metodologicznym wymogiem eksperymentów są odpowiednie powtórzenia, dlatego dla każdej z tych czterech grup selekcyjnych utrzymujemy po cztery niezależne linie (populacje). Dzięki temu możemy odpowiedzieć na pytanie, czy obserwowane w kolejnych pokoleniach zmiany wynikają z czynników losowych (np. tak zwanego dryfu genetycznego), czy faktycznie są odpowiedzią na konkretne czynniki selekcyjne.

W danej nam skali czasu, znikomo małej z perspektywy ewolucyjnej, nie możemy oczywiście liczyć na to, że utworzymy nowe „gatunki” zwierząt. Jednakże, w ciągu ponad 20 dotychczasowych pokoleń naszego eksperymentu selekcyjnego, pomiędzy liniami selekcionowanymi w różnych kierunkach pojawiły się już bardzo wyraźne różnice nie tylko selekcionowanych cech, ale wielu innych. W tym projekcie postaramy się odpowiedzieć na dwa główne pytania:

1) Jakie jest molekularne-genetyczne podłoże ewolucji podwyższonej wydolności tlenowej (linie Aerobic) i zwiększonej skłonności do drapieżnictwa (linie Predatory)? Żeby odpowiedzieć na to pytanie zbadamy zmienność genetyczną na „najgłębszym” poziomie: różnic w DNA w konkretnych „słowach” opisujących geny, a nawet jeszcze dokładniej – konkretnych „literach” tych słów (tzw. SNP – od angielskiego *Single Nucleotide Polymorphism*, czyli polimorfizm pojedynczego nukleotydu). Zbadamy około 2000 SNPów, żeby wykryć takie, dla których ich warianty (czyli allele) są skorelowane z interesującymi nas cechami fizjologicznymi i behawioralnymi oraz takie, dla których częstość tych wariantów zmieniła się systematycznie pod wpływem selekcji. W ten sposób możemy się dowiedzieć, które geny są zaangażowane w procesy skutkujące różnicami w interesujących nas cechach sprawnościowych - wydolności tlenowej i zachowaniach drapieżniczych.

2) Czy u nornic z linii o poprawionej zdolność „roślinożerczej” (Herbivorous) wyewoluowała zdolność do utrzymywania zmienionego składu bakterii symbiotycznych zasiedlających układ pokarmowy, wspomagających proces trawienia pokarmu roślinnego? Z naszych wcześniejszych badań wiemy już, że skład bakterii symbiotycznych w liniach Herbivorous różni się od tego u nornic z innych linii. W obecnym projekcie sprawdzimy, czy ta różnica jest odporna na wpływy czynników środowiskowych, a także czy odpowiada za obserwowaną różnicę w zdolności do przyswajania pokarmu roślinnego. Jeśli tak, to eksperyment ten będzie stanowił unikatowy przykład chwycenia „na gorącym uczynku” ewolucji tzw. holobiontu, a więc systemu składającego się z gospodarza i jego wszystkich mikro-symbiontów (czyli ogromnej liczby najróżniejszych mikroorganizmów zasiedlających organizm zwierzęcia). Wynik taki da eleganckie wsparcie koncepcji „hologenomu”, która zakłada, że właściwymi jednostkami podlegającymi selekcji naturalnej i ewolucji są właśnie całe holobionty, a nie zwierzęta (czy rośliny) oderwane od ściśle nimi współżyjących symbiotycznych mikroorganizmów.

Warto też zauważyć, że nasz eksperyment stanowi cenne narzędzie edukacyjne w kontekście społecznej debaty dotyczącej darwinowskiej teorii ewolucji, gdyż pozwala na obrazowe zademonstrowanie skuteczności doboru działającego na organizmy podobne do człowieka.