

## Epigenetyka superklonów rzuca nowe światło na ewolucję

Istnieje coraz więcej dowodów na to, że nie tylko zmiany w samym kodzie DNA napędzają ewolucję i że inne mechanizmy odgrywają również ważną rolę w adaptacji do środowiska. Zmiany epigenetyczne są jednym z tych mechanizmów, jednak daleko nam do pełnego zrozumienia ich roli.

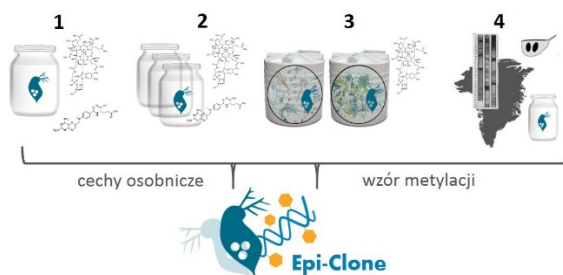
Termin epigenetyka odnosi się do dziedzicznych zmian w ekspresji genów, które nie dotyczą zmian w podstawowej sekwencji DNA. Na przykład niewielka modyfikacja chemiczna jednej z „czterech liter” kodu DNA, zwana metylacją, może aktywować lub dezaktywować najbliższe geny. Może to prowadzić do zmian cech organizmu bez zmiany genotypu.

W naszych badaniach staramy się **odpowiedzieć na pytanie, w jakim stopniu epigenetyka pozwala gatunkom klonalnym, czyli tym, które funkcjonują bez zmian genetycznych, na szybkie przystosowanie się** do wyzwań środowiskowych.

Zmiany w profilach epigenetycznych mogą pozwalać na szybkie, dziedziczne adaptacje, które poprzedzają wolniej ewoluujące zmiany w DNA. U organizmów bezpłciowych, klonalnych, wykorzystanie zmian epigenetycznych może odgrywać główną rolę w przyspieszaniu tempa ewolucji. Zwłaszcza w wymagających środowiskach, gdzie organizmy klonalne dokonują inwazji często jako pojedyncze genotypy, zmiany epigenetyczne mogą wprowadzać zmienność cech, na której może działać dobór naturalny.

Kandydatami dobrze nadającymi się do badania roli zmian epigenetycznych w adaptacji są genotypy, które przetrwały zmiany środowiskowe, takie jak te, których doświadczyły podczas inwazji w regiony polarne, lub przetrwały ich ocieplenie. Używamy takich klonów, nazywając je superklonami, należących do organizmu modelowego często używanego w badaniach ekologicznych, małego skorupiaka, rozwiłtki (dafni). Ostatnie dane sugerują, że informacja u tego gatunku może być przekazywana między pokoleniami inaczej niż przez sam kod DNA. Sugeruje się również, że metylacja DNA może być mechanizmem leżącym u podstaw tego zjawiska.

W proponowanych badaniach przetestujemy kluczową hipotezę, że procesy epigenetyczne napędzają i) plastyczność fenotypu i zmiany dostosowania, ii) lokalną adaptację oraz iii) inwazyjność klonów. Aby to zrobić, przyjrzymy się, jak zmiany epigenetyczne wpływają na osobniki i utrzymują się w skali tygodni, sezonów i stuleci u bezpłciowych dafni. Planujemy przeprowadzić następujące badania:



1: Będziemy zaburzać proces metylacji, by sprawdzić, jak to zmieni poszczególne wzorce metylacji i jak wpłynie na kondycję zwierząt.

2: Przedłużymy czas trwania tych zaburzeń i ujawnimy ich skutki przekazywane między pokoleniami oraz obliczymy, jak długo te skutki utrzymują się.

3: Powiążemy to, jak szybko i dobrze zwierzęta przystosowują się do wykorzystywania obecnych zasobów pokarmowych, ze zmianami metylacji ich genomów.

Wreszcie, 4: Zmierzymy ogólny poziom i wzorce metylacji w przetrwalnych jajach wyciągniętych z głębokich warstw osadów jeziornych i wyklujemy (wskresimy) niektóre z tych dziesięcioletnich lub stuletnich zarodków, aby prześledzić ich adaptację do zmieniających się w przeszłości warunków środowiska oraz powiążemy te przystosowania ze zmianami metylacji.

Aby zmierzyć kondycję zwierząt, zmierzemy dynamikę ich płodności i śmiertelności oraz tempo wzrostu ich populacji. Aby prześledzić wzorce metylacji, zastosujemy metody sekwencjonowania nowej generacji, wykonując sekwencjonowanie wodorosiarczynowe całego genomu (WGBS) i uzupełniając je o sekwencjonowanie transkryptomów (RNA seq), by śledzić też zmiany w ekspresji genów. Nasze zespoły badawcze z Warszawy i Oslo łączą siły, aby wykazać, jak zwierzęta dostosowują się do często nowych i ekstremalnych środowisk bez zmian w kodzie genetycznym. W ten sposób znacznie **przyczynimy się do pełniejszego zrozumienia, jak działa ewolucja biologiczna.**