

Kornik drukarz (*Ips typographus*) jest, z jednej strony, kluczowym gatunkiem ekosystemów leśnych, a z drugiej, jednym z najgroźniejszych szkodników lasów świerkowych niszczącym tysiące drzewostanów każdego roku. Tereny gdzie świerk nie jest gatunkiem natywnym (lasy gospodarcze z przewagą świerka) lub lasy osłabione przez burze lub susze są szczególnie podatne na gradację (masowe pojawy) korników. Podczas gradacji kornik drukarz jest w stanie atakować zdrowe drzewa powodując znaczne straty ekonomiczne. Co ciekawe, istnieje różnica w częstości występowania gradacji pomiędzy populacjami z północy i z południa zasięgu. Populacje północne charakteryzują się rzadkimi gradacjami lub ich brakiem, w przeciwieństwie do populacji z reszty zasięgu gdzie gradacje zdarzają się regularnie. Ze względu na duże znaczenie gospodarcze świerka, ekologia i biologia kornika drukarza jest stosunkowo dobrze poznane. Niedawno została poznana sekwencja jego genomu a obecnie badana jest zmienność genetyczna w różnych częściach zasięgu gatunku.

Dostępność danych genomowych sprawia, że kornik drukarz jest idealnym gatunkiem do badania wpływu drastycznych zmian wielkości populacji na ewolucje gatunku. Najważniejsze zagadnienia na które możemy rzucić więcej światła badając genom kornika to: jego historia demograficzna oraz procesy ewolucji neutralnej i adaptacyjnej (takie, w których ważne są warianty genów, które nie wpływają specjalnie na osobnika lub takie, które zwiększają jego przeżywalność i rozrodczość). Jednakże, aby w pełni wykorzystać potencjał nowopozyskanych danych genomowych konieczne jest poznanie tempa pojawiania się nowych wariantów genetycznych (nowych mutacji).

Głównym celem tego projektu jest oszacowanie tempa w jakim mutacje pojawiają się w genomie kornika drukarza. Informacja ta zostanie wykorzystana do zrozumienia jego historii ewolucyjnej i ewolucji jego genomu. Tempo mutacji można oszacować licząc warianty które pojawiają się w czasie jednego cyklu reprodukcyjnego. Zamierzam więc wyhodować kilka rodzin kornika drukarza, uzyskać sekwencje genomów rodziców i ich potomstwa, a następnie policzyć mutacje, które są obecne u potomstwa, ale nie ma ich u rodziców, co pozwoli mi na obliczenie tempa mutacji.

Tempo mutacji jest jednym z najważniejszych parametrów genetyce populacyjnej, dzięki któremu możemy obliczyć czas dywergencji gatunków czy też poszczególnych fragmentów genomu. Na przykład, znając tempo mutacji możemy powiedzieć kiedy doszło do ekspansji danego gatunku i jak bardzo wielkość gatunku uległa zmianie. Co więcej, znając tempo mutacji jesteśmy w stanie podać wyliczenia w latach i liczbie osobników, co znacznie ułatwia interpretacje. W konsekwencji, możliwe stanie się poznanie dokładniejszej historii ewolucyjnej kornika drukarza, zawierającej więcej istotnych i wiarygodnych informacji. Dodatkowo, tempo mutacji zostanie wykorzystane do określenia wieku dużych mutacji chromosomowych (aberracji chromosomowych) wykrytych w czasie naszych wstępnych badań. W szczególności, wiemy że kilka części genomu kornika uległo inwersji (obróceniu o 180 stopni) tak, że fragmenty te występują obecnie w dwóch wariantach, z inwersją i bez. Takie polimorficzne inwersje mogą odgrywać dużą rolę w adaptacji gatunku (np. mogą zawierać dobrze „współpracujące ze sobą” warianty genów wpływających korzystnie na przeżywalność i rozrodczość osobników), ale ich rola w ewolucji kornika drukarza pozostaje nieznana. Pierwszym krokiem w kierunku zrozumienia znaczenia inwersji u kornika drukarza będzie oszacowanie czasu kiedy do nich doszło. Czy stało się to przed ostatnią ekspansją gatunku (tj. po ostatnim zlodowaceniu) a może jeszcze wcześniej?

Poznanie historii demograficznej kornika drukarza wraz z wiedzą o czasie powstania inwersji chromosomowych będzie fundamentem do dalszych badań nad wpływem dramatycznych zmian wielkości populacji na zmienność genetyczną oraz procesem adaptacji u kornika drukarza.