

Abstrakt

Adaptace, proces šíření výhodných alel, umožňuje populacím a druhům čelit nepříznivým podmínkám prostředí. Příklady konvergentní adaptace (zde použita jako synonymum k paralelní) ukazují důležitost přírodního výběru pro formování biologické diversity a umožňují zjišťovat, do jaké míry je genetická podstata evoluce předvídatelná. Mnoho nedávných genomických studií odhalilo, že je konvergentní evoluce na úrovni genomu rozšířená. Jenže konkrétní podoba se velmi liší, od odpovědi pomocí stejných molekulárních drah ale různých míst v genomu (funkční konvergence) po opakovanou adaptaci pomocí stejných genů (opětovné použití genů). To vede k otázce, jestli takto variabilní systém umožňuje jakékoliv predikce ohledně mechanismů zodpovědných za konvergentní adaptaci. Spekuluje se, že se způsoby konvergentní adaptace liší podle příbuznosti zkoumaných linií. Jenže tato možná závislost nikdy nebyla testována na jednotném modelovém systému napříč škálou různých příbuzností, a tak se nemohla potvrdit ani ona, ani její možné příčiny.

V předkládané PhD práci jsem empiricky zjišťovala jak a proč se genomická konvergence liší s klesající příbuzností. Jako příklad jsem použila konvergentní adaptaci k vnějším (alpinské prostředí) a vnitřním (celogenomová duplikace) podmínkám. Ty jsem studovala v rostlinné modelové čeledi brukvovité (Brassicaceae) a zahrnovaly spektrum příbuzností mezi 0,01 – 25 miliony let. Díky těmto modelovým systémům jsem testovala, jestli se míra opětovného využití genů v konvergentní adaptaci snižuje se snižující se příbuzností a jestli to odráží dostupnost sdílených alel nebo genetická omezení daná pleiotropií genů. Nakonec jsem se ptala, jakou roli v opakované adaptaci hraje funkční konvergence.

Za použití sekvenování genomu a statistických analýz, doplněných experimenty, jsem identifikovala konvergentní změny související s adaptací a vyčíslila tak míru genomické konvergence. Mezi studiemi, které byly součástí mého PhD projektu, míra opětovného využití genů v konvergentní adaptaci úzce souvisela s genetickou příbuzností srovnávaných linií. Identifikovala jsem vysokou míru opětovného využití genů mezi blízce příbuznými populacemi a naopak velmi nízkou míru nad úrovní rodu. U takto vzdáleně příbuzných konvergentních linií potom byla nízká míra genové konvergence kompenzována zvýšenou mírou konvergence na úrovni funkčních molekulárních drah. Nakonec jsem zjistila, že u blízce příbuzných linií je opětovné využití genů pravděpodobnější díky jejich schopnosti sdílet společné alely – buď výměnou genovým tokem nebo zděděné od předků. Tato zjištění představují první objasnění mechanismů stojících za snižující se mírou opětovného využití genů s narůstající evoluční vzdáleností mezi liniemi.

Celkově jsem ukázala, že míra opětovného použití genů v konvergentní adaptaci souvisí s příbuzností, což je zapříčiněno lepší dostupností společných alel mezi populacemi uvnitř druhu. Opakovaná adaptace pomocí rozdílných genů účinkujících ve stejné molekulární dráze naopak dominuje, když je příbuznost mezi konvergentními liniemi (a tedy možnost sdílet výhodné alely) limitně nízká. Obecně tyto výsledky nabízejí nové empirické poznatky k debatě o opakovatelnosti adaptace a z ní vyplývající (ne)předvídatelnosti evoluce. To může v důsledku přispět k navrhování programů ochrany přírody nebo nalézt využití v oborech medicíny pracující s předvídatelností evoluce.