

XLIII Warsztaty Biologii Ewolucyjnej (Warszawa, 26 stycznia 2008 r.)

Tematyka 43 Warsztatów Biologii Ewolucyjnej organizowanych przez Komitet Biologii Ewolucyjnej i Teoretycznej PAN dotyczyła analizy zmienności genetycznej w kontekście ewolucji gatunków i populacji. Warsztaty otworzył i poprowadził Jacek Radwan z Uniwersytetu Jagiellońskiego. Uczestnicy Warsztatów dopisali, łącznie wzięło w nich udział 91 osób. Świadczy to o dużym zainteresowaniu zagadnieniami ewolucyjnymi zarówno wśród zawodowych badaczy, doktorantów jak i studentów. Najliczniej reprezentowane były ośrodki badawcze z Warszawy i Krakowa, ponadto w Warsztatach uczestniczyły osoby z ośrodków z Białegostoku, Białowieży, Bydgoszczy, Łodzi, Poznania, Rzeszowa i Sopotu.

W pierwszej części Warsztatów zostały zaprezentowane dwa bardzo interesujące wykłady plenarne. Pierwszy z nich, zatytułowany „Genetyka krajobrazu – identyfikacja czynników odpowiedzialnych za poziom przepływu genów i zróżnicowanie między populacjami” wygłosił Mirosław Ratkiewicz z Uniwersytetu w Białymstoku. Prelegent wyjaśnił, że genetyka krajobrazu lub też genetyka krajobrazowa (ang. *landscape genetics*) zajmuje się związkiem pomiędzy heterogenicznością środowiska a strukturą genetyczną gatunku. Umożliwia ona odpowiedź na pytania, ile odrębnych pul genowych (populacji) występuje na danym obszarze, pozwala zidentyfikować np. kryptyczną strukturę populacji. Ponadto, pozwala badać bariery przepływu genów, zarówno naturalne jak i pochodzenia antropogenicznego, a także wzorce kolonizacji gatunku i korytarze migracji. Dziedzina ta wykorzystuje techniki mo-

lekularne oraz metody charakteryzujące zróżnicowanie krajobrazu, m.in. GIS (ang. *Geographic Information System*, system informacji geograficznej) czy cyfrowe modele wysokości nad poziomem morza. Uzyskane dane pozwalają na identyfikację nieciągłości gatunku poprzez korelacyjne wykrywanie tych nieciągłości z danymi krajobrazowymi. Autor przedstawił metody analizy danych oraz przykłady wykorzystania genetyki krajobrazu w badaniach. Prezentowany temat, dotyczący dopiero kształtującej się dziedziny, wzbudził duże zainteresowanie, o czym świadczył szereg pytań i komentarzy ze strony słuchaczy.

Drugi wykład plenarny pt. „Koalescent i wnioskowanie o historii populacji” przedstawił Wiesław Babik (Uniwersytet Jagielloński, Kraków). Autor podkreślił znaczenie genomów organizmów jako nośników informacji dotyczącej wieku gatunku, wielkości populacji i jej zmian w czasie, demografii specjacji, historycznego i współczesnego przepływu genów oraz tempa rekombinacji. Porównawcza analiza sekwencji blisko spokrewnionych gatunków pozwala wykryć zmienność oraz umożliwia tworzenie drzew genealogicznych. Ponadto, informacja zawarta w homologicznych sekwencjach reprezentujących wiele części genomu może być odczytana i przeanalizowana dzięki teorii koalescencji. Przedstawiony został zarys tej teorii; autor posługując się prostymi ilustracjami położył główny nacisk na intuicyjne zrozumienie jej głównych zasad, pomijając złożony opis formalny założeń. Prelegent przedstawił zalety i problemy związane z wykorzystaniem teorii koalescencji oraz zastosowanie tej teorii w genetyce dywergencji populacji. Genetyka ta, poprzez badanie wzorców koalescencji różnych części genomu, pozwala na wnioskowanie o przebiegu specjacji. Niewątpliwą zaletą prezentacji było proste i klarowne przedstawienie tego trudnego zagadnienia.

Dłuższa przerwa pomiędzy wykładami a doniesieniami, teoretycznie przeznaczona na posiłek, była doskonałym czasem na kontynuację dyskusji zagadnień poruszonych w trakcie wykładów plenarnych i płynną wymianę innych myśli, bardziej lub mniej naukowych.

Poza wykładami plenarnymi program styczniowych Warsztatów obejmował sześć doniesień. Jacek M. Szymura z Uniwersytetu Jagiellońskiego zaprezentował doniesienie zatytułowane „Czy negatywne interakcje jądrowo-cytoplazmatyczne tłumaczą rozmieszczenie mtDNA w strefach mieszańcowych *Bombina*?”. W strefie mieszańcowej kumaków *Bombina bombina* i *B. variegata* obserwuje się odmienne działanie doboru naturalnego w gradiencie środowisk, ponadto mieszańce wykazują niższe dostosowanie powodowane niezgodnością genetyczną i/lub rozbiciem koadaptacji genów w obrębie genomu. Niezgodności genetyczne obserwowane w strefie mieszańcowej stanowić mogą uboczny efekt dywergencji gatunków, a ponadto niezgodności te powinny gwałtownie rosnąć wraz z dywergencją (ang. *snowball effect*).

W tym kontekście autor podjął dyskusję o interakcjach między DNA jądrowym i mitochondrialnym oraz możliwości ich koadaptacji.

Doniesienie „Zastosowanie sieci Bayesowskiej do wyznaczania współczynnika ojcostwa z uwzględnieniem efektów ewolucyjnych” zaprezentowała Paulina Wolańska-Nowak (Instytut Ekspertyz Sądowych, Kraków). Prelegentka wyjaśniła teoretyczne i praktyczne metody analiz sądowych wykorzystywanych w dochodzeniu ojcostwa, tudzież poszukiwaniu domniemanych sprawców przestępstwa. Przedstawiono możliwość wnioskowania w sytuacji niepewności z wykorzystaniem acyklicznego grafu skierowanego, czyli sieci Bayesowskiej, która wyraża probabilistyczne zależności pomiędzy zmiennymi lub zdarzeniami. Doniesienie to, i swoista „egzotyka aplikacyjna” wystąpienia, wzbudziły wyraźne zainteresowanie słuchaczy.

Wstępne wyniki badań dotyczące genetycznej i fenologicznej charakterystyki kosodrzewiny w doniesieniu pt. „Przepływ genów w transektach wysokościowych na przykładzie metapopulacji *Pinus mugo* z Tatr” zaprezentował Konrad Celiński z Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

W kolejnym wystąpieniu zatytułowanym „Mikrosatelity – markery prawie kodominujące” Igor Chybicki (Uniwersytet w Bydgoszczy) poruszył problemy związane z tzw. allelami zerowymi (ang. *null alleles*). Allele te pojawiają się, gdy dochodzi do mutacji w miejscu przyłączania startera; wówczas starter nie rozpoznaje miejsca przyłączenia, a w efekcie brak jest produktu w reakcji PCR. Sytuacja taka stanowić może poważny problem w trakcie analizy frekwencji sekwencji mikrosatelitarnych w populacji. Przedmiotem dyskusji były metody postępowania w przypadku stwierdzenia, prawdopodobnych lub domniemanych, alleli zerowych.

Sebastian Tarcz z Instytutu Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN w Krakowie przedstawił doniesienie pt. „Zmienność genetyczna w obrębie gatunku bliźniaczego *Paramecium novaurelia* (Ciliophora, Protozoa)”. Autor skoncentrował się na określeniu poziomu zmienności genetycznej pantofelka dla trzech regionów genomu i omówił różnice w otrzymanych wynikach.

Maciej Pabijan (Uniwersytet Jagielloński) zaprezentował temat „Dobór naturalny i dryf genetyczny kształtują zmienność MHC u dwóch gatunków traszek”. Autor podjął próbę określenia wpływu tych dwóch podstawowych mechanizmów ewolucyjnych na poziom polimorfizmu w genach kompleksu zgodności tkankowej (MHC). W trakcie badań oceniono polimorfizm drugiego egzonu genów MHC klasy II u dwóch gatunków traszek w populacjach pochodzących z refugium oraz terenów postglacjalnych. U traszek stwierdzono działanie doboru pozytywnego, który zwiększał różnorodność w miejscach wiązania antygenów (region PBR). Drastyczny spadek zmienności w genach MHC na terenach kolonizacji postglacjalnej stwierdzono u traszki grzebieniastej. Ponadto wykazano, że zarówno dryf

genetyczny, jak i dobór naturalny, kształtowały polimorfizm genów MHC u traszki górskiej.

Ostatnie doniesienie o niezwykle interesującej tematyce i dużym znaczeniu zarówno naukowym, jak i dla diagnostyki medycznej, przedstawił Borys Wróbel (Instytut Oceanologii PAN, Sopot). W prezentacji zatytułowanej „Mierzalnie ewoluujące populacje: zegar molekularny w rejonie E1/E2 genomu wirusa zapalenia wątroby typu C” zaprezentował wyniki analizy molekularnej genomu wirusów po-branych od zarażonych pacjentów. Pozwoliło to na prześledzenie ewolucji genomu wirusa, a ponadto w znacznym stopniu umożliwiło określenie czasu jaki minął od zarażenia pacjenta wirusem.

Podsumowując, można stwierdzić, że przedstawione referaty i doniesienia w większości reprezentowały wysoki poziom, dostarczyły interesujących wyników i informacji. Ponadto, z punktu widzenia uczestnika Warsztatów, jestem skłonna wyrazić przekonanie, że udział w nich niewątpliwie może, a nawet powinien, stanowić „po-żywkę” dla przyszłych i obecnych naukowców.

Magdalena Zagalska-Neubauer