



# PŘÍRODOVĚDECKÁ FAKULTA Univerzita Karlova

## Je evoluce předvídatelná? Záleží na měřítku.

Přírodovědecká fakulta UK, Praha 25. 5. 2021

Tisková zpráva

**Dá se předvídat, pomocí kterých genů se organismy vypořádají se změnami prostředí? Jak se geneticky přizpůsobí ke změnám klimatu, znečištění přírody nebo k novým patogenům? Výzkum vědců vedený týmem Evoluční genomiky na katedře botaniky Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy, publikovaný v prestižním časopise Americké akademie věd (PNAS), ukázal, že to do jisté míry možné je - především při srovnání blízce si příbuzných populací a druhů.**

K této odpovědi vědce dovedl výzkum konvergentní (opakované) evoluce. Pokud se totiž k určité výzvě prostředí přizpůsobí více jedinců nebo druhů, poskytuje to přírodní experiment, díky němuž je možné vystopovat opakovatelnost, a tedy i předvídatelnost, evoluce.

Vědci za tímto účelem využili opakované přizpůsobení planě rostoucích modelových rostlin huseníčků a jejich přizpůsobení k vysokohorskému prostředí (Obr. 1). Nehostinnost tohoto prostředí si během výzkumu mnohokrát vyzkoušeli na vlastní kůži: ať už šlo o spáleniny vlivem vysoké míry UV záření, výkyvy tepla, zimu, vítr nebo nedobrovolné se brodění tlustou vrstvou sněhu v době, kdy v nížinách ještě vládlo léto. Narozdíl od lidí se ale huseníčky s těmito výzvami v průběhu evoluce úspěšně vypořádaly: díky sekvenování desítek genomů a následným genetickým analýzám vědci odhalili 150 genů, jejichž pozměněním se rostliny horskému prostředí přizpůsobily. Většina z nich jsou zodpovědné za odpověď k vysokému záření, nízké teplotě, krátké letní sezóně, odlišnému složení půdy, býložravců a patogenů (Obr. 2). Co je pro otázku předvídatelnosti důležité, při srovnání takových "horských" genů mezi dvanácti nezávislými přírodními experimenty v alpinském prostředí se ukázalo, že

blíže příbuzné populace se častěji přizpůsobují pomocí stejných genů než vzdálenější druhy. Díky modelování evolučních scénářů se navíc podařilo dokázat, že za tímto jevem stojí schopnost blízce příbuzných populací sdílet výhodné mutace. Ty si je buď půjčují křížením s již adaptovanými populacemi nebo je zdědí od společného předka. Dohromady tyto výsledky ukazují, že čím blíže jsou si populace nebo druhy příbuzné, tím větší je šance, že zdědí již odzkoušenou genetickou výbavu vhodnou k přizpůsobení (Obr. 3). Z toho se dá odvodit řada praktických poznatků, například že rezistence k herbicidům vyvinutá u jedné rostliny se s velkou šancí může vyskytnout i u její příbuzné. Nebo že pokud se nějaký druh ryby vypořádá s průmyslovým znečištěním vody, stane se tak pravděpodobněji i u jeho blízkého druhu.

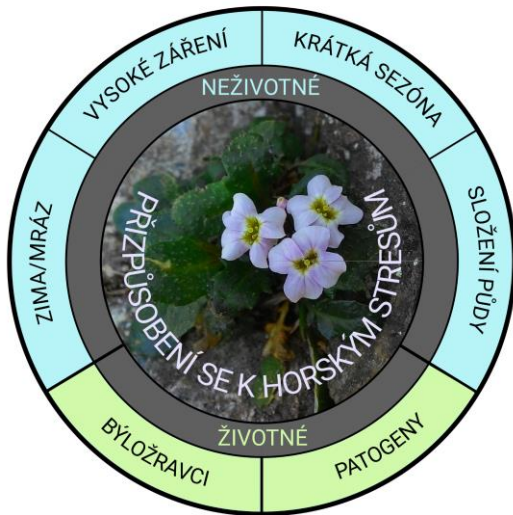
Na výzkumu se podílely tyto vědecké instituce: Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy (primární pracoviště prvního i korespondujícího autora), Botanický ústav Akademie věd, Přírodovědecká fakulta Jihočeské univerzity, University of California Davis a Science for Life Laboratory, Stockholm University.

Odkaz na originální článek:

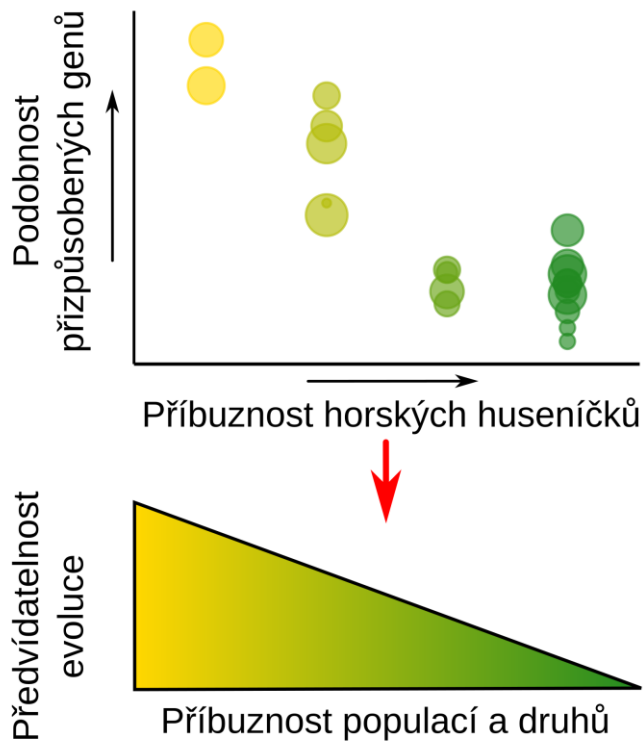
*Genomic basis of parallel adaptation varies with divergence in Arabidopsis and its relatives.* Magdalena Bohutínská, Jakub Vlček, Sivan Yair, Benjamin Laenen, Veronika Konečná, Marco Fracassetti, Tanja Slotte, Filip Kolář. **Proceedings of the National Academy of Sciences** May 2021, 118 (21) e2022713118; [DOI: 10.1073/pnas.2022713118](https://doi.org/10.1073/pnas.2022713118)



Obr. 1: Nížinné (dole) a z nich opakovaně vzniklé a přizpůsobené horské (nahore) formy huseníčku.



Obr. 2: Vlastnosti vysokohorského prostředí, ke kterým si huseníčky přizpůsobily geny.



Obr. 3: Příbuznější huseníčky se přizpůsobují pomocí podobnějších genů, jejich genetická odpověď na změnu prostředí je tedy předvídatelnější.