

Sztuczna selekcja jest niezwykle użytecznym narzędziem do badania jednego z kluczowych pytań genetyki populacyjnej jakim jest, w jaki sposób organizmy adaptują się do nowych warunków środowiska. Porównanie odmian z różnych okresów hodowlanych dostarcza wglądu w to w jaki sposób gatunki stopniowo przystosowywały się do współczesnych warunków uprawy. Liczne gatunki we współczesnym rolnictwie są uprawiane w podobnych warunkach, charakteryzujących się gęstym sadzeniem i obfitością azotu.

Kukurydza i pszenica są jednymi z najważniejszych gatunków agronomicznych. Pomimo swoich biologicznych różnic, istnieją istotne podobieństwa w historiach ewolucji tych dwóch gatunków. Oba zostały udomowione około 10 000 lat temu w klimacie tropikalnym: kukurydza w Meksyku, a pszenica na Bliskim Wschodzie. Następnie oba gatunki rozprzestrzeniły się i dzisiaj są uprawiane prawie na całym świecie. Pomimo różnic w strategiach hodowlanych, oba gatunki uległy przekształceniom od czasów Zielonej Rewolucji. Obecnie zajmują one podobną niszę ekologiczną jakim jest współczesne pole uprawne. Chociaż nowoczesne rolnictwo skutecznie przystosowało rośliny do obecnych warunków uprawy, postęp ten wiąże się z utratą różnorodności genetycznej w nowoczesnych odmianach. Może to ograniczać zdolność do wyprowadzania nowych odmian zdolnych do przystosowania się do zmieniających się warunków środowiska.

Konwencjonalne metody genetyki do analizy cech rolniczych, takie jak badania asocjacyjne w skali genomu, są prawdopodobnie niewystarczająca pod względem szybkości, aby sprostać potencjalnie nadchodzącemu deficytowi żywności przewidywanemu na 2050 rok. Ewolucja natomiast stanowi ostateczne badanie terenowe. W szczególności występowanie ewolucji konwergentnej wśród populacji zamieszkujących podobne środowiska stanowi silny dowód na to, że to selekcja, a nie procesy neutralne, kształtują zmienność cech. Biorąc pod uwagę podobieństwa w adaptacji kukurydzy i pszenicy do warunków współczesnego pola, stanowią one atrakcyjny system do badania ewolucji konwergentnej. Badanie procesów molekularnych, które podlegały równoległej selekcji w obu gatunkach podczas ich adaptacji do tych warunków, może dostarczyć cennych informacji na temat mechanizmów adaptacji do nowych środowisk.

Metabolity, czyli produkty pośrednie i końcowe procesów biologicznych, odgrywają kluczową rolę w adaptacji roślin do nowych środowisk i zapewniają alternatywne podejście do badania ewolucji roślin w stosunku do genomów i transkryptomów. Ponadto, w porównaniu z cechami morfo-rozwojowymi, takimi jak plon, metabolity często posiadają prostszą architekturę genetyczną, co umożliwia badanie czynników genetycznych kontrolujących je w stosunkowo małych populacjach. Dzięki temu, stanowią one obiecującą drogę do zrozumienia czynników genetycznych leżących u podstaw adaptacji kukurydzy i pszenicy do warunków współczesnej uprawy. W przedstawnym projekcie weryfikacji podlegać będzie hipoteza badawcza mówiąca, że **kukurydza i pszenica ulegają ewolucji konwergentnej na poziomie metabolicznym podczas współczesnej hodowli**. W tym celu przeanalizujemy odmiany z różnych okresów hodowlanych, wykorzystując badania asocjacyjne, transkryptomiczne, metabolomiczne oraz metody genetyki populacyjnej. Identyfikacja alleli, a także alleli potencjalnie utraconych w nowoczesnych odmianach loci cech ilościowych (QTL) metabolitów ma podwójne znaczenie. Po pierwsze, potencjalnie poszerzy nasze zrozumienie mechanizmów adaptacji do nowych środowisk. Po drugie, może stać się cenną informacją ułatwiającą wyprowadzenie odmian roślin lepiej przystosowanych do przetrwania w dzisiejszych i przyszłych zmieniających się warunkach klimatu.