

Gigantyzm genomowy, posiadanie przez organizmy wyjątkowo dużych genomów, wyewoluował niezależnie w różnych liniach eukariontów. Mimo, iż wiemy, że za wzrost wielkości genomu odpowiada ekspansja sekwencji powtarzalnych, mechanizmy ewolucyjne napędzające tę ekspansję pozostają przedmiotem debaty. Szczególnie słabo zbadane są ewolucja sekwencji i struktury gigantycznych genomów, oraz nie wiemy jakie są konsekwencje gigantyzmu genomowego dla ewolucji genomów.

Jedną ze znaczących luk w naszej wiedzy jest zrozumienie, w jaki sposób różnice genetyczne kumulują się w gigantycznych genomach w miarę ewolucji populacji w odrębne gatunki oraz w jaki sposób materiał genetyczny z różnych populacji miesza się podczas tego procesu. Istnieje kilka powodów, dla których różnice genetyczne mogą kumulować się w różny sposób w gigantycznych genomach. Po pierwsze, tempo rekombinacji genetycznej (tasowania genów) jest tam zwykle niskie, co może ograniczać skuteczność doboru naturalnego, procesu powodującego adaptację. Po drugie, ponieważ gigantyczne genomy składają się w większości z sekwencji powtarzalnych, tj. występujących w wielu kopiach w genomie, oczekuje się, że znaczna część różnic genetycznych wystąpi w obrębie tych powtarzających się części, co może prowadzić do znacznych różnic w składzie genomu nawet między blisko spokrewnionymi gatunkami. Po trzecie, gigantyczne genomy zawierają wiele transpozonów, „skaczących genów”, które mogą znacząco przyczyniać się do zmienności genetycznej i adaptacji.

Salamandry (Urodela) są przykładem gigantyzmu genomu, gdyż wielkość genomu wszystkich gatunków przekracza 10 miliardów par zasad, trzykrotność wielkości ludzkiego genomu. Projekt ten koncentruje się na badaniu różnic genetycznych i introgresji – mieszania się materiału genetycznego pomiędzy populacjami – w gigantycznych genomach gatunków z kompleksu traszki zwyczajnej. Kompleks ten składa się z dziewięciu linii ewolucyjnych, które reprezentują różne etapy powstawania gatunków. Dla tych linii zebrano już obszerne dane genetyczne i dotyczące wielkości genomu, co stanowi solidną podstawę dla naszych badań genomicznych. Nasz projekt ma na celu osiągnięcie kilku celów:

- Scharakteryzowanie krajobrazu genomowego różnic strukturalnych: Zidentyfikujemy różnice strukturalne między genomami i zrekonstruujemy ich historię ewolucyjną.

- Ilościowe określenie zróżnicowania i introgresji w sekwencjach jednokopijnych, tj. występujących tylko w jednym miejscu w genomie: przeanalizujemy próbki z centrów zasięgów wszystkich linii kompleksu traszki zwyczajnej oraz z naturalnych stref mieszańcowych; naszym celem jest zrozumienie determinantów zróżnicowania genetycznego i introgresji.

- Ocena zróżnicowania i introgresji w powtarzalnych regionach genomu: Porównamy liczebność różnych transpozonów i innych sekwencji powtarzalnych w genomach różnych linii kompleksu traszki zwyczajnej i pomiędzy nimi, aby określić, czy za różnice w wielkości genomu odpowiadają określone typy elementów, czy też wynikają one z uogólnionej aktywności różnych typów. Całkowicie nowatorskim aspektem tego projektu jest analiza sekwencji powtarzalnych w strefach mieszańcowych, oferująca bezprecedensowy wgląd w to, jak sekwencje powtarzalne przyczyniają się do zmienności i zróżnicowania genetycznego.