

Zmienność mikrobiomu owadów w czasie i przestrzeni

Zapraszamy do zapoznania się z projektem realizowanym w Zespole Ewolucji Symbioz (Instytut Nauk o Środowisku UJ), którego jednym z członków został w ramach stażu podoktorskiego nasz pracownik dr Michał Kolasa.

Jednym z aspektów, jakimi zajmuje się biologia ewolucyjna w ciągu ostatnich dwóch dekad jest rola jaką odgrywają mikroorganizmy (głównie bakterie i grzyby) w biologii i ewolucji organizmów złożonych. Na przykładzie owadów wiemy, że mikroorganizmy te (symbionty) wielokrotnie wchodziły w długo lub krótkoterminowe związki ze swoimi gospodarzami niejednokrotnie tworząc wielogatunkowe zbiorowiska w obrębie tkanek jednego z gospodarzy tworząc mikrobiom. Mimo, że szybki rozwój technik sekwencjonowania DNA umożliwił badanie na wielką skalę całych mikrobiomów gospodarzy, to nadal nie wiemy, co go kształtuje i jak zmienia się on w czasie.

Celem projektu “Zmienność mikrobiomu owadów w czasie i przestrzeni” jest kompleksowy opis symbioz w bardzo dużej kolekcji owadów. Dzięki współpracy ze szwedzkim projektem Insect Biome Atlas (IBA) oraz przede wszystkim stworzeniu odpowiednich protokołów laboratoryjnych i bioinformatycznych będzie możliwe przebadanie kilkudziesięciu tysięcy owadów pochodzących z terenów Szwecji zebranych w różnych przedziałach czasowych. Połączenie tak ogromnej liczby prób wraz z wysokoprzepustowym sekwencjonowaniem nowej generacji pozwoli odpowiedzieć na następujące pytania:

1. Jak taksonomia i biologia owadów wpływają na kompozycję ich mikrobiomów ?
2. Jak czynniki środowiskowe wpływają na zmienność geograficzną i sezonową wybranych gatunków owadów ?
3. Jak często i jakimi mechanizmami endosymbionty są transmitowane między gatunkami owadów ?

Projekt ten poszerzy wiedzę na temat czynników, które kształtują skład mikrobiomów, dostarczy też informacji na temat ich zmienności w czasie i przestrzeni, oraz o wpływie symbioz na biologię gospodarzy. Co więcej umożliwi opracowywanie protokołów laboratoryjnych, wytworzenie narzędzi obliczeniowych i pozyskanie doświadczenia w dziedzinie wysokoprzepustowego sekwencjonowania nowej generacji – jednej z najszybciej rozwijających się i najbardziej obiecujących technik w dziedzinie nauk biologicznych.

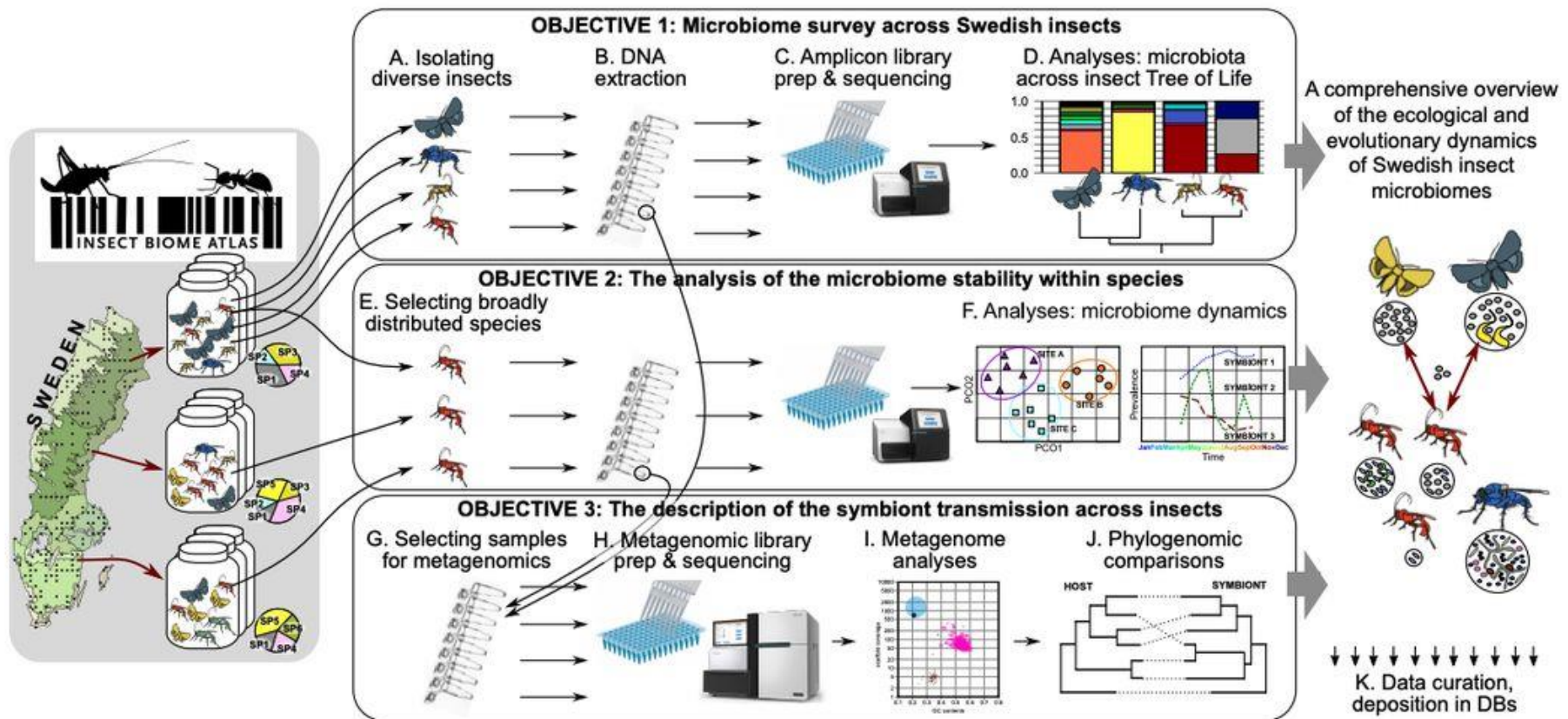


Figure 1. A schematic overview of the project workflow. The research tasks are briefly outlined in the main text, and discussed more thoroughly in Section 4.