

Odporność, czyli zdolność organizmu do czynnej i biernej obrony przed patogenami jest kluczowym elementem warunkującym dostosowanie osobników. Za aktywną część odporności odpowiada układ immunologiczny, który zapewnia zdolność eliminowania elementów obcych (antygenów) pojawiających w organizmie. Pierwszą fazą odpowiedzi immunologicznej jest faza indukcyjna, w której antygen rozpoznawany jest przez limfocyty, a za prezentację antygeny limfocytom odpowiadają białka głównego układu zgodności tkankowej (MHC, z ang. *Major Histocompatibility Complex*). Istnieją dwa rodzaje cząsteczek MHC. Cząsteczki MHC klasy I prezentują antygen cytotoksycznym limfocytom Tc i biorą udział w obronie przeciwko patogenom wewnątrzkomórkowym, podczas gdy cząsteczki MHC klasy II prezentują antygen pomocniczym limfocytom Th, biorąc udział w obronie przeciw patogenom zewnątrzkomórkowym. Każda cząsteczka MHC posiada specjalny region, którym może wiązać antygeny o określonej sekwencji aminokwasów (ABR, z ang. *Antigen-Binding Region*). Z tego powodu duża różnorodność cząsteczek MHC obecnych w organizmie umożliwia wiązanie większej liczby antygenów, a co za tym idzie, zwalczanie szerszego zakresu patogenów.

Różnorodność cząsteczek MHC w organizmie determinowana jest liczbą genów (loci), a co za tym idzie, liczbą różnych alleli MHC. W toku ewolucji liczba genów MHC może zwiększać się w procesie duplikacji, jednak niektóre zduplikowane loci mogą zostać utracone w wyniku delekcji lub mutacji w niefunkcjonalne pseudogeny. W efekcie, w niektórych grupach zwierząt obserwujemy znaczną zmienność liczby loci MHC. Najlepszym przykładem grupy kręgowców, u których wykazano ogromną zmienność organizacji regionu MHC są ptaki, gdzie u niektórych gatunków stwierdzono tylko jeden gen MHC klasy II, podczas gdy u innych gatunków sugerowano obecność ponad 20 różnych loci. Niestety, siły ewolucyjne odpowiedzialne za powstanie tej zmienności pozostają w dużym stopniu niejasne.

Głównym celem tego projektu jest scharakteryzowanie historycznych wzorców duplikacji MHC w toku filogenezy ptaków, a także określenie wpływu duplikacji na procesy doboru i rekombinacji w obrębie MHC. W ramach projektu zamierzamy przy pomocy techniki sekwencjonowania SMRT jednoznacznie określić liczbę loci MHC w wybranej grupie gatunków ptaków wróblowych. Do tej pory liczba loci MHC u ptaków wróblowych szacowana była głównie na podstawie liczby sekwencji uzyskanych z genotypowania eksonów kodujących ABR cząsteczek MHC klasy I lub II, a genetyczne mapy regionu MHC istnieją jedynie dla kilku gatunków wróblowców.

Dodatkowym celem projektu będzie określenie wewnątrz-gatunkowej zmienności liczby loci MHC u cytrynki czarnolicyj *Geothlypis trichas* poprzez genotypowanie regionu MHC osobników charakteryzujących się niską i wysoką liczbą alleli MHC (ustaloną wcześniej przy pomocy 454 pirosekwencjonowania). Do tej pory dowody na istnienie między-osobniczej zmienności liczby genów MHC stwierdzono tylko u kilku gatunków ptaków nie-wróblowych. U wróblowców, wewnątrz-gatunkowe różnice w liczbie loci MHC sugerowane były jedynie dużą zmiennością w liczbie sekwencji uzyskiwanych u różnych osobników, a największą zmienność tego rodzaju stwierdzono właśnie u cytrynki czarnolicyj (od 10 do 45 alleli klasy II stwierdzonych u różnych osobników).

Wiadomo, że zmienność liczby loci MHC związana jest z odpornością na choroby u ludzi i zwierząt laboratoryjnych, ale dopiero od niedawno związki te zaczęto badać u dziko żyjących gatunków zwierząt i obecnie uważa się, że mogą być one ważnym czynnikiem warunkującym procesy demograficzne populacji. Spodziewamy się, że projekt ten pomoże ustalić ewolucyjne znaczenie duplikacji MHC, co z kolei może umożliwić lepsze zrozumienie różnic w odporności na choroby między różnymi grupami taksonomicznymi ptaków i innych kręgowców.