

Jedną z niezwykłych cech genów jądrowych euglenin jest obecność w nich dwóch typów intronów: konwencjonalnych intronów spliceosomalnych o konserwowanych końcach GT/C-AG oraz nietypowych intronów niekonwencjonalnych. Introny niekonwencjonalne euglenin nie posiadają konserwowanych sekwencji złączy, tworzą za to stabilną strukturę drugorzędową, zbliżającą końce intronów i egzony na poziomie RNA. Introny konwencjonalne występują w pozycjach konserwowanych, podczas gdy introny niekonwencjonalne w pozycjach unikalnych dla pojedynczych szczepów, gatunków lub niewielkich grup gatunków blisko spokrewnionych ze sobą. Niektóre introny, nazywane pośrednimi posiadają cechy obu wspomnianych grup, dlatego uważa się, że mogą one być formami przejściowymi pomiędzy intronami konwencjonalnymi i niekonwencjonalnymi. Wiedza na temat nabywania nowych intronów niekonwencjonalnych oraz zmian typów jest ciągle niewielka i ogranicza się do danych dla pojedynczych genów. Najlepszym źródłem uzyskania pełniejszych danych na temat ewolucji intronów w genach jądrowych euglenin wydaje się być poznanie sekwencji genomów jądrowych różnych ich przedstawicieli. Podstawowym celem poniższego projektu jest poznanie sekwencji genomów jądrowych dwóch gatunków euglenin: *E. hyemalis* oraz *E. longa*. Na podstawie uzyskanych danych, a także na podstawie danych dla genomu *E. gracilis* przeprowadzone zostaną analizy rozmieszczenia intronów w homologicznych genach a także analizy sekwencji intronów różnych typów. Spodziewamy się, że na podstawie uzyskanych informacji uda nam się: (1) oszacować skalę procesów nabywania i tracenia intronów różnych typów, (2) oszacować liczbę nowych intronów niekonwencjonalnych nabytych po rozejściu się linii ewolucyjnych *E. longa* – *E. hyemalis*/*E. gracilis* oraz *E. hyemalis* – *E. gracilis*, (3) wskazać elementy najbardziej konserwowane w intronach niekonwencjonalnych, (4) wskazać elementy charakterystyczne dla sekwencji będących źródłem intronów i elementy wskazujących na mechanizm ich nabywania, (5) wskazać introny pośrednie, wycinane potencjalnie przez dwa mechanizmy, (6) wskazać introny dla których doszło do zmiany typu/mechanizmu wycinania.

Wyzolowany DNA będzie sekwencjonowany dwiema metodami nowej generacji: metodą Illumina oraz metodą PacBio. Szacujemy, że połączenie tych dwóch metod umożliwi uzyskanie długich fragmentów genomu o jakości odpowiedniej do poszukiwania genów. Dla uzyskanych sekwencji genomowych, a także dla sekwencji genomu *E. gracilis* przeprowadzone zostaną analizy porównawcze, mające na celu wskazanie starych i nowych intronów niekonwencjonalnych, intronów pośrednich oraz zmian typów intronów.

Spodziewane wyniki analiz genomowych pozwolą na globalne oszacowanie procesów nabywania i tracenia intronów w genach jądrowych euglenin. Liczymy również, że uda się wskazać różnice pomiędzy intronami starszymi ewolucyjnie, obecnymi u wszystkich analizowanych gatunków, a intronami młodszymi, wstawionymi do genów pojedynczych taksonów stosunkowo niedawno. Różnice takie ułatwiłyby wskazanie celu i sensu nabywania nowych sekwencji niekodujących w obrębie genów. Odpowiedzi na te pytania poszerzyłyby nie tylko naszą wiedzę na temat ewolucji genomów euglenin ale również na temat roli intronów różnych typów w genach jądrowych wszystkich eukariontów. Wydaje się bowiem, że pomimo wielu lat badań nie wszystkie funkcje intronów zostały poznane.