

Introgresja międzygatunkowa jest procesem polegającym na przepływie genów z jednego gatunku do drugiego. Jest ona ważnym mechanizmem ewolucyjnym działającym między kontaktującymi się blisko spokrewnionymi gatunkami, które są w stanie krzyżować się i dawać płodne potomstwo. Pomimo, iż introgresja międzygatunkowa jest zjawiskiem dość powszechnym na obszarze kontaktu dwóch gatunków, czyli w tzw. strefach mieszańcowych, do niedawna była niedocenianym mechanizmem ewolucyjnym, ponieważ trudno ją odróżnić od innych sił działających w genomie. Przypuszcza się, że różne fragmenty genomu przepływają między gatunkami w różnym tempie. Przyczyną tego może być działanie różnych typów doboru naturalnego na różne geny. Najwolniej introgresji powinny ulegać fragmenty genomu biorące udział w tworzeniu bariery międzygatunkowej, najszybciej zaś geny o znaczeniu adaptacyjnym, których nowe warianty są korzystne dla osobników. Są to np. geny, na które działa dobór równoważący, utrzymujący zmienność genetyczną w populacji. Do tej grupy zaliczają się geny głównego układu zgodności tkankowej (MHC), które pełnią kluczową rolę w odpowiedzi immunologicznej kręgowców. Wyższa zmienność genów MHC daje możliwość obrony przed szerszym spektrum patogenów. Analiza introgresji w przypadku genów pod doborem równoważącym jest szczególnie trudna, gdyż trudno ją odróżnić od podobieństw genetycznych między gatunkami wynikających z pokrewieństwa. Nie ma do tej pory zbyt wielu prac dotyczących tego zagadnienia, gdyż trudno jest znaleźć system, który umożliwi rozróżnienie tych efektów.

W tym projekcie chcemy sprawdzić, czy geny MHC ulegają introgresji szybciej niż inne geny w strefie mieszańcowej traszek karpackiej (*Lissotriton montandoni*) i zwyczajnej (*L. vulgaris*). Adaptatywna introgresja tych genów została wykazana w dużej skali geograficznej, jednak badania strefy mieszańcowej umożliwią bezpośrednią analizę przepływu genów w czasie rzeczywistym. Pozwoli to na zrozumienie jego mechanizmów oraz sprawdzenie czy introgresja jest w przypadku tych traszek procesem ciągłym czy epizodycznym, którego efekty obserwujemy teraz. Zamierzamy przetestować populacje w czterech transektach przez strefę mieszańcową, która znajduje się na obwodzie Karpat. Zamierzamy użyć metody klin geograficznych, polegającej na analizie zmian częstości alleli w transektach. Wolniejsze zmiany częstości alleli będą świadczyły o ich szybszej introgresji, czego spodziewamy się w przypadku genów MHC. Wyniki dla MHC zostaną porównane z wieloma innymi, losowo wybranymi genami. Dodatkowo, chcemy określić ich położenie na chromosomach, aby móc sprawdzić, czy sąsiedztwo genów MHC powoduje szybszą introgresję innych genów.

Geny MHC charakteryzują się wysokim tempem duplikacji oraz zróżnicowaniem liczby kopii w genomie wewnątrz populacji, przez co są trudnym obiektem badań i wymagają stosowania specjalnych metod do ich analizy, jednak z tych samych powodów mogą być również cennym źródłem informacji na temat introgresji międzygatunkowej. Badania te pomogą w zrozumieniu mechanizmów działających w genomie oraz lepszym poznaniu procesów ewolucyjnych biorących udział w powstawaniu gatunków.