

Ewolucja komórki eukariotycznej (posiadającej jądro komórkowe) jest jednym z najciekawszych i najważniejszych tematów biologii ewolucyjnej, a proces endosymbiozy jest jej kluczowym elementem. Pierwsza udana endosymbioza zdarzyła się około 2 miliardy lat temu i związana jest z pochłonięciem α -proteobakterii przez przodków wszystkich eukariontów. Nabyty endosymbiont został przekształcony w mitochondrium, centrum energetyczne komórki, co *de facto* zapoczątkowało ewolucję samych eukariontów. Kolejna endosymbioza zdarzyła się około 500 milionów lat później. Wtedy pewien eukariont pochłoniął cyjanobakterię (sinicę), która została przekształcona w ramach tzw. endosymbiozy pierwotnej w plastyd (pierwotny, np. chloroplast). Dzięki temu powstały pierwsze eukarionty samożywne zdolne przeprowadzać fotosyntezę. Ich potomkami są rośliny lądowe i różne grupy glonów takie jak zielenice, krasnorosty i glaukofity. Przedstawiciele tych grup lub ich plastydy były kolejno pochłaniane przez inne eukarionty w ramach endosymbioz wtórnych, a te następnie przez kolejne eukarionty w procesach endosymbioz wyższych rzędów. W wyniku tego wiele linii pierwotnie cudzożywnych stało się samożywnymi. W ten sposób plastydy i proces fotosyntezy zostały rozpowszechnione niemalże po całym drzewie życia eukariontów, wędrując nawet do niektórych zwierząt takich jak samożywne ślimaki morskie z rodzaju *Elysia*.

Proces przekształcenia endosymbionta, np. sinicy, w organellum komórkowe odbywał się stopniowo. Aby lepiej zarządzać informacją genetyczną zawartą w nowo tworzonych organellach, znaczna część genów endosymbiontów została przeniesiona do jądra komórkowego gospodarza. W wyniku tego pojawiła się konieczność powstania systemu importu białek, który pozwoliłby na ich transport z powrotem do organelli. Dlatego białka kierowane do organelli nabyły odpowiednie sygnały kierujące (presekwencje), a w błonach organelli wyewoluowały odpowiednie transportery dla tych białek.

Celem niniejszego projektu jest utworzenie pierwszej bazy danych, która zawierałaby zarówno informacje genetyczne, morfologiczne jak i biochemiczne o plastydach, z przyjaznym interfejsem dla użytkownika oraz zestawem narzędzi do interaktywnego przeglądania, wyszukiwania, sortowania, porównywania i pobierania danych. W ramach tego projektu stworzymy oprogramowanie, które będzie rozpoznawało sekwencje kierujące białka do plastydów, co pozwoli na ich łatwą identyfikację. Ma to szczególne znaczenie w poszukiwaniu nowych celów dla przemysłu farmaceutycznego, gdyż wiele pasożytów, np. zarodziec malarii, posiada zredukowane plastydy, które mogą stać się dobrym celem nowych terapii. Informacje zawarte w bazie danych i analizator presekwencji pomogą zbudować model ewolucji plastydowych sekwencji kierujących i plastydowych systemów importu białek. Na podstawie zgromadzonych w danych odtworzymy także w jaki sposób plastydy ewoluowały przez ponad 1.5 miliarda lat. Proponowany projekt jest również częścią jednego z największych wyzwań dla współczesnych ewolucjonistów od czasu opublikowania teorii ewolucji Darwina gdyż dotyczy odtworzenia Drzewa Życia. Drzewo to ma przedstawiać relacje filogenetyczne między wszystkimi znanymi organizmami, a jednym z celów tego projektu jest ujawnienie związków między słabo zbadanymi, ale dominującymi w środowisku grupami eukariontów, klasyfikowanych przez wielu autorów do historycznego królestwa Protista.