

# Wpływ introgresji międzygatunkowej i wewnątrzgatunkowej struktury geograficznej na zmienność genów głównego układu zgodności tkankowej (MHC)

## Popularnonaukowe streszczenie projektu

Układ odpornościowy pozwala organizmowi wykryć i zwalczyć atakujące go patogeny. U większości gatunków występuje jedynie odporność nieswoista, reagująca szybko, lecz mało precyzyjnie. U kręgowców pojawił się natomiast układ odporności swoistej, które działa precyzyjnie przeciwko konkretnemu patogenowi i zapamiętuje go, aby szybko zwalczyć w przypadku ponownej infekcji. Zrozumienie mechanizmów ewolucji genów zaangażowanych w odporność swoistą jest istotne nie tylko z czysto poznawczego punktu widzenia, lecz również ze względu na znaczenie w ochronie gatunkowej. Geny głównego układu zgodności tkankowej (dalej MHC) kodują białka, odgrywające kluczową rolę w odporności swoistej. MHC są najbardziej zmiennymi genami kręgowców, tzn. wiele wariantów MHC obecnych jest jednocześnie w populacji. Powszechnie uważa się, że powodem tej wysokiej zmienności jest ewolucyjny wyścig zbrojeń między patogenami a gospodarzami. Jednak mechanizmy wytwarzające i utrzymujące zmienność MHC nie są wystarczająco poznane. W szczególności trudno jest pogodzić szybką wymianę wariantów MHC oczekiwaną przy wyścigu zbrojeń między patogenami i gospodarzami (mechanizm Czerwonej Królowej) z empirycznymi obserwacjami wysokiej zmienności MHC w obrębie populacji oraz występowania starych wariantów MHC.

W proponowanym projekcie planujemy zbadać rolę dwóch czynników, które mogą odgrywać istotną rolę w wytwarzaniu i utrzymywaniu zmienności MHC: hybrydyzacji międzygatunkowej i wewnątrzgatunkowej struktury geograficznej. Projekt ma dwa główne cele: i) empiryczny test hipotezy mówiącej, że hybrydyzacja prowadzi do intensywnej wymiany genów MHC między gatunkami, a tym samym do wzrostu ich zmienności w krzyżujących się gatunkach, ii) sprawdzenie, za pomocą symulacji komputerowych, czy hybrydyzacja i podział geograficznych gatunku na subpopulacje ułatwiają długotrwale utrzymanie zmienności MHC w obrębie gatunku. Empiryczny test wpływu hybrydyzacji na zmienność MHC przeprowadzimy w strefach kontaktu między krzyżującymi się, lecz silnie izolowanymi rozrodzono gatunkami. Zbadamy ponad 30 stref kontaktu między gatunkami z 10 rodzajów i wszystkich najważniejszych grup kręgowców (ryby kostnoszkieletowe, płazy, gady, ptaki, ssaki). Sprawdzimy, czy podobieństwo MHC między gatunkami jest większe w pobliżu strefy kontaktu. Wyniki z poszczególnych stref kontaktu zostaną zebrane w postaci metaanalizy. W teoretycznej części projektu zbadamy wpływ hybrydyzacji i struktury genetycznej przy użyciu symulacji komputerowych, które modelować będą zarówno wyścig zbrojeń między patogenami i gospodarzami, jak i różne formy struktury geograficznej. Oczekujemy większej zmienności MHC przy hybrydyzacji i silniejszej strukturze geograficznej.

Ponieważ MHC odgrywa zasadniczą rolę w walce z patogenami, zrozumienie procesów kształtujących ewolucję MHC jest istotne zarówno z teoretycznego (poznanie mechanizmów utrzymujących zmienność genetyczną) jak i praktycznego (ochrona i zarządzanie gatunkami zagrożonymi, minimalizacja ryzyka wymarcia, epidemiologia populacji naturalnych) punktu widzenia. W proponowanym projekcie zbadamy wpływ dwóch potencjalnie istotnych czynników, których znaczenie nie zostało wystarczająco poznane: hybrydyzacji i struktury geograficznej. Połączenie podejścia empirycznego z teoretycznym powinno pozwolić na całościowe zrozumienie znaczenia tych procesów, dostarczyć ram dla interpretacji istniejących już danych, a także ukierunkować przyszłe badania. Dlatego, naszym zdaniem, wyniki będą interesujące dla szerokiego grona badaczy zainteresowanych biologią konserwatorską, genetyką ewolucyjną oraz epidemiologią populacji naturalnych.