

Mitochondria są w komórkach głównym źródłem energii, potrzebnej do utrzymania procesów życiowych u większości organizmów. Nawet niewielkie usterki w ich działaniu prowadzą do chorób, a czasem nawet śmierci ludzi i innych gatunków. Na skutek ewolucji, kod DNA dla białek tworzących mitochondrialne kompleksy oddechowe znajduje się w genomie jądrowym (nDNA) i genomie mitochondrialnym (mtDNA). Białkowe produkty tych dwóch genomów muszą płynnie ze sobą współpracować, aby utrzymać metabolizm tlenowy. Ponieważ genomy te występują w tych samych komórkach, tkankach, organizmach i gatunkach, z biegiem czasu wykazują koadaptacje, powstające na drodze wspólnej drogi ewolucyjnej. Jeśli jednak dwa różne gatunki krzyżują się i wydają na świat potomstwo (co jest częstym zjawiskiem w przyrodzie) są szanse, że ich mtDNA i nDNA nie są koadaptowane, a nawet mogą być niekompatybilne. Ich mieszańcowe potomstwo jest wtedy mniej wydajne w wytwarzaniu energii, co może objawiać się niższą efektywnością w innych procesach życiowych, takich jak zdobywanie pożywienia, ucieczka przed wrogiem, znajdowanie partnera lub wytwarzanie potomstwa o wysokiej jakości. Niezgodności cytojądrowe zostały zaproponowane jako jeden z głównych mechanizmów izolacji rozrodczej utrzymującej gatunki na odrębnych ścieżkach ewolucyjnych. Jednak wiele podstawowych aspektów tego potencjalnie uniwersalnego mechanizmu pozostaje nieznanymi.

Pary gatunków, które jeszcze nie osiągnęły całkowitej izolacji rozrodczej nadają się do testowania podstawowych założeń i konsekwencji koadaptacji cytojądrowej. Płazy są dobrymi kandydatami w tym względzie, ponieważ nawet genetycznie dywergentne gatunki mogą się krzyżować w warunkach naturalnych. W tym projekcie, najpierw zweryfikuję, czy koadaptacja pomiędzy mtDNA i nDNA jest częstym zjawiskiem wśród płazów poprzez określenie wzorów adaptacji i dywergencji w sekwencjach DNA wśród blisko spokrewnionych ze sobą gatunków. Następnie sprawdzę czy istnieje asocjacja statystyczna pomiędzy koadaptowanymi genami w mtDNA i nDNA w miejscach gdzie zasięgi krzyżujących się ze sobą gatunków się nakładają. Porównam rozkład przestrzenny mtDNA oraz genów nDNA oddziaływujących z mtDNA w strefach kontaktu 30 par taksonów płazów, u których dochodzi do hybrydyzacji na styku zasięgów.

W niektórych przypadkach mtDNA może przeniknąć granice gatunków i osadzić się w blisko spokrewnionym lecz odrębnym gatunku (introgresja), stwarzając możliwość powstania niezgodności cytojądrowych i tym samym zagrażając biorcy obcego mtDNA. Znamy jednak szereg gatunków, u których doszło do introgresji obcego mtDNA bez wyraźnego wpływu na funkcjonowanie organizmu, co podważa hipotezę niezgodności cytojądrowych budujących izolację rozrodczą organizmów. Jest kilka możliwych wytłumaczeń tego zjawiska. Po pierwsze, znaczne różnice w parametrach demograficznych pomiędzy krzyżującymi się gatunkami mogą doprowadzić do asymetrycznej i szerokiej introgresji. Po drugie, introgresja może być korzystna (adaptatywna) i zgodna z adaptacją cytojądrową jeśli dostosowanie obcego mtDNA jest wyższe niż oryginalne mtDNA biorcy w konkretnych warunkach środowiskowych. Mam zamiar zbadać trzy gatunki płazów, u których doszło do szerokiej introgresji obcego mtDNA. W rozstrzygnięciu pomiędzy hipotezami zastosuję modelowanie historii demograficznej gatunków oraz introgresji genów, w oparciu o zróżnicowanie sekwencji DNA z różnych części genomu.

Molekularne badania ewolucyjne umożliwiają jedynie wnioskowanie pośrednie oparte o śledzenie zdarzeń z przeszłości. W kolejnym zadaniu przeprowadzę eksperymenty na przedstawicielach ciekawej grupy płazów jakimi są żaby zielone. Niektóre populacje żaby śmieszki (*Pelophylax ridibundus*) posiadają obce mtDNA pochodzące z daleko spokrewnionego gatunku - żaby jeziorkowej (*P. lessonae*). Z powodów przedstawionych powyżej, osobniki z obcym mtDNA funkcjonują gorzej niż ich odpowiedniki z własnym mtDNA. Te naturalne mieszańce cytojądrowe mogą dostarczyć bardzo potrzebnych informacji o skutkach niekompatybilności cytojądrowej. W warunkach laboratoryjnych porównam przeżywalność oraz metabolizm tlenowy kijanek żaby śmieszki z własnym i obcym mtDNA, aby wyjaśnić, czy istnieją różnice między grupami.

Wynikiem projektu będzie ilościowe oszacowanie wpływu niekompatybilności cytojądrowych na izolację rozrodczą pomiędzy gatunkami, a także próba wyjaśnienia zagadnień związanych z szeroką introgresją mtDNA. Eksperyment z introgresją u kijanek *Pelophylax* umożliwi bezpośrednie sprawdzenie efektów funkcjonalnych będących wynikiem niedopasowania cytojądrowego. Proponowana porównawcza analiza wielu gatunków, w oparciu o zmienność wielogenową, wyjaśni znaczenie koadaptacji cytojądrowej u płazów, przyczyniając się tym samym do poszerzenia wiedzy o ewolucji genomów zachodzącej w procesie specjacji.