

Testowanie hipotezy ewolucji mitochondrialnego DNA w strefie hybrydizacyjnej gatunków drzew leśnych z wykorzystaniem złożonych *de novo* sekwencji genomów.

Biolodzy ewolucyjni mają unikalną możliwość spoglądania w przeszłość by śledzić pochodzenie gatunków, poznawać ich skomplikowane historie, zmiany liczebności i rozmieszczenia, a także odkrywać rozmaite sekrety ich życia. Wszystko to jednak byłoby niemożliwe, bez odpowiednich markerów molekularnych, które bazują na osobniczych różnicach sekwencji DNA. Szczególnie istotnymi markerami w badaniach zmian demografii i struktury populacji w obrębie gatunków są markery pochodzące z mitochondriów, które są powszechnie używane dla gatunków, reprezentujących wszystkie gałęzie drzewa życia. Jednak, mimo tego, że używa się ich niemal rutynowo w badaniach różnicowania się populacji i gatunków – ich historia ewolucyjna jest nadal słabo poznana. Sytuacja ta dotyczy w największym stopniu mitochondriów roślinnych, które charakteryzują się złożoną strukturą wewnętrzną oraz olbrzymimi genomami, nawet 200-krotnie większymi niż mitochondria zwierząt. W ostatnich latach badacze zadawali wiele pytań odnośnie określonych aspektów dotyczących ewolucji mitochondriów roślinnych, takich jak na przykład: czy wpływają one na dostosowanie organizmu, w którym się znajdują, jak często zdarzają się odstępstwa od typowego, jednorodzielskiego dziedziczenia tych organelli i co najważniejsze, czy zachodzi ich rekombinacja? Ta ostatnia myśl zrodziła się by wyjaśnić pewne właściwości mitochondrialnego DNA obserwowanego u gatunków występujących w tak zwanych strefach hybrydizacyjnych – obszarach współwystępowania, krzyżowania się i wydawania płodnego potomstwa przez przedstawicieli co najmniej dwóch różnych gatunków. Jednak do dziś ten pomysł nie został formalnie przetestowany. W proponowanym projekcie wykorzystane zostaną najnowsze technologie sekwencjonowania DNA, dzięki czemu możliwe będzie wygenerowanie całkowitej sekwencji mitochondrialnego genomu roślin. Następnie wykorzystane zostaną zaawansowane metody analizy danych sekwencyjnych, pochodzących od osobników ze strefy hybrydizacyjnej blisko spokrewnionych sosen, by odpowiedzieć na kluczowe pytanie dotyczące ewolucji genomów mitochondrialnych. W projekcie zsekwencjonowanych zostanie kilkanaście genomów mitochondrialnych trzech gatunków sosen, a następnie przy użyciu metod genomiki porównawczej wykryte zostaną potencjalne ślady świadczące o wydarzeniu rekombinacyjnym, które miało miejsce w przeszłości. Dzięki uzyskanym kompletnym sekwencjom mitochondrialnego DNA badanych sosen, w ramach projektu możliwe będzie również opracowanie nowych markerów molekularnych i zastosowanie ich w ocenie rozmieszczenia nowych i potencjalnie zrekombinowanych wariantów DNA mitochondrialnego w populacjach w obrębie strefy hybrydizacyjnej. Realizacja projektu przyczyni się do rozwoju obecnego rozumienia ewolucji genomów mitochondrialnych i rzuci światło na ich skomplikowaną strukturę. Badania te dostarczą istotnej wiedzy z zakresu biologii ewolucyjnej, genomiki populacyjnej, biologii genomu i ekologii molekularnej roślin.