

Powszechnie uznaje się, że genomy mitochondrialne kręgowców mają konserwatywną zawartość i kolejność genów. Dlatego interesujące jest to, że ptasie mitogenomy charakteryzują się odmiennym ułożeniem genów, które może zawierać duplikację regionu kontrolnego i pięciu sąsiednich genów. Niektóre gatunki zawierają prawie wszystkie zduplikowane elementy, ale inne zachowały tylko kilka, co sugeruje utratę kopii. Ponieważ liczba mitogenomów bez zduplikowanych elementów jest większa niż liczba genomów z duplikacjami, wielu autorów zakłada, że duplikacje występowały wielokrotnie i niezależnie w różnych grupach ptaków, natomiast pojedynczy porządek genów występował u przodka wszystkich ptaków.

Jednak brak duplikacji może wynikać z zastosowania nieprawidłowych technik molekularnych. Rosnąca liczba wcześniej niezidentyfikowanych duplikacji sugeruje, że wiele ptasich mitogenomów bez duplikacji w rzeczywistości może je mieć. Dlatego rzetelne poszukiwanie duplikacji w genomach mitochondrialnych ma kluczowe znaczenie dla ustalenia ich prawdziwego występowania i ewolucji. Nasze wyniki wskazują, że przodkowie wielu ptasich grup zawierali duplikacje mitogenomiczne, które zostały odziedziczone lub utracone w ich potomkach. Nie można wykluczyć, że ostatni wspólny przodek wszystkich ptaków zawierał również duplikację. Gdyby ta hipoteza okazała się prawdziwa, zmieniłoby to całkowicie obecny scenariusz ewolucji ptasich genomów mitochondrialnych.

Zduplikowane regiony kontrolne są interesujące z ewolucyjnego punktu widzenia, ponieważ ich sekwencje mogą stać się podobne lub identyczne z powodu skoordynowanej ewolucji. Dlatego interesujące jest prześledzenie ewolucji mitogenomu, aby dowiedzieć się, jak często regiony kontrolne ulegały ujednoceniu a także, w których liniach zachodziła duplikacja, a w których ulegała zanikowi. Interesujące jest również, czy obecność lub brak duplikacji jest tylko cechą neutralną, czy może zapewnić przewagę selekcyjną. Wcześniejsze badania sugerowały, że ptaki posiadające mitogenomy ze zduplikowanym regionem kontrolnym charakteryzują się dłuższym czasem życia, a także większym tempem metabolizmu i produkcją energii.

A zatem celem tego projektu jest kompleksowe zbadanie wielu ptasich mitogenomów oraz wnioskowanie o ich ewolucji i mechanizmach duplikacji. Planujemy określić, czy u przodka ptaków istniała duplikacja czy nie oraz w jaki sposób zduplikowane elementy ewoluowały w różnych grupach ptaków. Sprawdzimy również, czy duplikacje mitochondriów i ich utrata wiąże się z określonymi cechami ptaków.

Planujemy zsekwencjonować genomy mitochondrialne i jądrowe co najmniej 100 gatunków ptaków reprezentujących około 20 rzędów ptaków. Duplikacje w obrębie mitogenomów będą przeszukiwane za pomocą indywidualnie zaprojektowanych diagnostycznych reakcji amplifikacji. Zastosujemy dwie strategie sekwencjonowania. Nowo uzyskane sekwencje oraz te dostępne w bazie GenBank zostaną wykorzystane do budowy drzew filogenetycznych. Porównamy filogenezy oparte na markerach mitochondrialnych i jądrowych, aby zrekonstruować ewolucję mitogenomów. Zmapujemy zidentyfikowane ułożenia genów na drzewa filogenetyczne gatunków oparte o markery jądrowe, aby zrekonstruować ewolucję mitogenomów i ich duplikację. Osobno wykonane drzewa filogenetyczne regionów kontrolnych ujawnią ich ewolucję i określą, kiedy były duplikowane lub ujednocicane. Ciekawą innowacją będzie korelacja duplikacji mitochondrialnych lub ich utraty z masą i długością ciała ptaka, podstawowym tempem metabolizmu i maksymalną długością życia.

Nasz projekt będzie pierwszą analizą wykonaną na tak dużą skalę. Jeśli nasze wyniki zaprzeczą, że standardowa kolejność genów mitochondriów występowała u przodka ptaków, zmieni to całkowicie powszechny pogląd na ewolucję mitogenomu ptaków. Wyniki tego projektu dostarczą również wysokiej jakości danych, które będą przydatne do rekonstrukcji ptasiej filogenezy w oparciu o sekwencje mitochondrialne i jądrowe. Nasze wyniki dotyczące ewolucji mitogenomu ptaków mogą również pomóc w zrozumieniu ewolucji genomów mitochondrialnych u innych kręgowców, u których znaleziono podobne duplikacje. To pozwala odkryć wspólne mechanizmy prowadzące do duplikacji i organizacji mitogenomu.