

Numer projektu	2013/09/N/NZ8/03198
Tytuł projektu	Identyfikacja genów determinujących mendlowskie i epigenetyczne dziedziczenie typów płciowych u wybranych gatunków zespołu <i>Paramecium aurelia</i> .
Kierownik projektu	Natalia Sawka
Źródło finansowania	Narodowe Centrum Nauki (OPUS)
Kwota na realizację	124 900 PLN
Okres realizacji	2014-2016
Opis projektu	<p>Typy płciowe są obecnie obiektem intensywnych badań u różnych organizmów, należących często do różnych królestw np. Pierwotniaków, Grzybów i Roślin. Sprawują one kluczową rolę w kontroli przejścia pomiędzy haploidalną a diploidalną fazą cyklu życiowego (Perrin 2012). Celem prowadzonych od 2014 roku badań jest identyfikacja genów odpowiedzialnych za determinację typów płciowych u <i>Paramecium tredecaurelia</i>, <i>Paramecium undecaurelia</i> oraz <i>Paramecium sonneborni</i> wchodzących w skład zespołu gatunków bliźniaczych <i>Paramecium aurelia</i>.</p> <p><i>P. tredecaurelia</i> jest jedynym gatunkiem z zespołu <i>P. aurelia</i> wykazującym mendlowski system dziedziczenia typów płciowych. Z kolei <i>P. undecaurelia</i> i <i>P. sonneborni</i> charakteryzują się karionidalmym dziedziczeniem typów płciowych, a ich determinacja odbywa się poprzez procesy epigenetyczne. Po zajściu procesu płciowego, autogamii bądź koniugacji, typy płciowe w komórkach determinowane są losowo. W tym systemie, determinacja typu płciowego zachodzi prawdopodobnie w wyniku alternatywnej reorganizacji genomu makrojądrowego przy udziale małych cząsteczek RNA (scnRNA). Natomiast w systemie mendlowskim typy płciowe dziedziczone są zgodnie z prawami Mendla, a za determinację typów płciowych odpowiedzialny jest jeden gen.</p> <p>W prowadzonych badaniach testowana jest hipoteza badawcza stanowiąca, że determinacja typu płciowego E (ang. Even) jest zawsze związana z ekspresją genu <i>mtA</i>, nawet jeśli gen ten nie odpowiada bezpośrednio za determinację typów płciowych w badanym gatunku. Dotychczasowe wyniki prowadzonych badań u <i>P. tredecaurelia</i> wykazują, że gen <i>mtA</i> ulega ekspresji w typie płciowym E, z kolei geny kodujące czynniki transkrypcyjne - <i>mtB</i> i <i>mtC</i> konieczne do ekspresji typu płciowego E u innych gatunków np. u <i>P. tetraurelia</i> nie są zaangażowane w proces determinacji typów płciowych w tym gatunku. Przeprowadzone badania</p>

sugerują, że w proces aktywacji genu mtA jest zaangażowany nowy, nie opisany gen kodujący czynnik transkrypcyjny, ponadto za typ płciowy O najprawdopodobniej odpowiada delecja jednego nukleotydu w promotorze genu mtA. Przeprowadzona analiza funkcji dotychczas znanych genów typów płciowych (mtA, mtB, mtC) wskazuje, że nie u wszystkich gatunków zespołu *P. aurelia* są one wymagane do ekspresji typu płciowego E (*P. undecaurelia*, *P. sonneborni*). Dodatkowo przeprowadzone analizy filogenetyczne wskazują, że w obrębie zespołu gatunków *P. aurelia* doszło do ewolucji kilku niezależnych od siebie mechanizmów determinacji typów płciowych. Prowadzone badania mają istotne znaczenie dla poznania ewolucji genomu *Paramecium* oraz przebiegu specjacji w obrębie gatunków bliźniaczych. Dotychczasowe wyniki wykazują, że w obrębie zespołu gatunków *P. aurelia* ewolucja mechanizmów determinujących typy płciowe zaszła kilkakrotnie i niezależnie od siebie.

Badania prowadzone w ramach projektu badawczego są częścią projektu dotyczącego badania systemów determinacji typów płciowych u wszystkich gatunków należących do zespołu *Paramecium aurelia* realizowanego w ramach sieci naukowej Europejskiej Grupy Badawczej GDRE (fr. Groupement de Recherches Européen) „*Paramecium Genome Dynamics and Evolution*”. Ponadto stanowią także część projektu akcji COST BM1102 „*Ciliates as model systems to study genome evolution, mechanisms of non-Mendelian inheritance, and their roles in environmental adaptation*”