

UMO-2014/15/B/NZ8/00258 Biogeografia i mikroewolucja mikroorganizmów eukariotycznych w świetle oceny zmienności genetycznej naturalnych populacji orzęsków należących do zespołu gatunków <i>Paramecium aurelia</i>	
Kierownik projektu:	Dr hab. Sebastian Tarcz email: starcz@isez.pan.krakow.pl
Wykonawcy:	Prof. dr hab. Ewa Maria Przyboś-Razowska Dr Natalia Sawka Marta Surmacz
Współpracownicy:	
Źródło finansowania:	Narodowe Centrum Nauki (Opus 8)
Kwota na realizację:	394 100 PLN
Okres realizacji:	2015-2018
Opis projektu:	<p>Orzęski z rodzaju <i>Paramecium</i> (Ciliophora, Protista) są organizmami modelowymi w badaniach z zakresu biochemii, biologii komórki, fizjologii a także genetyki. Chociaż rodzaje takie jak <i>Tetrahymena</i> lub <i>Paramecium</i> od lat są obiektem badań w wielu dziedzinach nauk przyrodniczych, to nadal niewiele wiadomo na temat zmienności genetycznej populacji żyjących w naturalnych siedliskach.</p> <p>Jej oszacowanie oraz ocena składu gatunkowego z różnych ekosystemów są istotne dla stawiania hipotez dotyczących przebiegu mikroewolucji u badanych taksonów. Podobnie jak inne wolnożyjące pierwotniaki, orzęski odgrywają kluczową rolę w różnych typach nisz ekologicznych. Jednakże, określenie granic pomiędzy gatunkami wśród mikroorganizmów eukariotycznych oraz wyjaśnienie przebiegu specjacji wydaje się być jednym spośród najważniejszych problemów współczesnej protozoologii.</p> <p>Prawdopodobną przyczyną jest brak jednolitej definicji oraz złożona struktura gatunku, ale także niewielka ilość danych o naturalnych populacjach u Protista. W związku z faktem, że informacje na temat przestrzennej i sezonowej zmienności genetycznej mikroorganizmów jednokomórkowych zasiedlających naturalne ekosystemy są stosunkowo rzadko spotykane, celem obecnego projektu jest próba odpowiedzi na pytanie jak kształtuje się w skali przestrzennej i czasowej zmienność genetyczna zebranych orzęsków oraz czy ma ona potencjalny wpływ na przebieg mikroewolucji w zespole gatunków <i>Paramecium aurelia</i>.</p> <p>W celu weryfikacji hipotez dotyczących występowania i rozprzestrzenienia mikroorganizmów eukariotycznych oraz dostarczenia informacji na temat zmienności genetycznej naturalnych populacji zostanie zebrany materiał</p>

	<p>z terenu południowej Polski.</p> <p>Realizowany projekt zalicza się do nielicznych, w którym sklasyfikowane do gatunku w oparciu o krzyżówki genetyczne szczepy (biologiczna definicja gatunku) będą porównywane przy pomocy analizy molekularnej i bioinformatycznej fragmentów genomu (filogenetyczna koncepcja gatunku). Co więcej, użycie dwóch niezależnych sposobów na rozróżnienie blisko spokrewnionych taksonów pozwala na identyfikację potencjalnych rozbieżności pomiędzy zachowaniem podczas krzyżowania a charakterystyką molekularną.</p> <p>Uzyskane wyniki nie tylko pomogą w odpowiedzi na pytanie jak kształtuje się zmienność genetyczna i skład gatunkowy pierwotniaków z zespołu <i>P. aurelia</i> w wybranych ekosystemach ale także pozwolą odpowiedzieć na pytanie czy możliwy jest przepływ genów pomiędzy blisko spokrewnionymi gatunkami orzęsków występujących sympatrycznie. Ponadto pozyskane zostaną użyteczne dane z zakresu bioróżnorodności, co w przyszłości może być zastosowane w biomonitoringu czy genetyce konserwatorskiej śródlądowych ekosystemów wodnych. Nowatorski charakter projektu polega na tym, że badania z zakresu genetyki populacyjnej dotyczą głównie organizmów wielokomórkowych, natomiast analiza zmienności genetycznej w populacjach blisko spokrewnionych mikroorganizmów eukariotycznych jest rzadko spotykana.</p>
Publikacje:	