

UMO-2012/05/B/NZ8/00387

Paramecium jenningsi - struktura gatunku i charakterystyka syngenów w oparciu o krzyżówki genetyczne, badania cytologiczne oraz analizę wybranych fragmentów genomu

Kierownik projektu:	prof. dr hab. Ewa Maria Przyboś-Razowska email: przybos@isez.pan.krakow.pl
Wykonawcy:	Dr hab. Sebastian Tarcz Dr Natalia Sawka Marta Surmacz
Współpracownicy;	Prof. Maria Rautian (St. Petersburg State University, Russia) Dr Natalia Lebedeva (St. Petersburg State University, Russia)
Źródło finansowania:	Narodowe Centrum Nauki (Opus 3)
Kwota na realizację:	313 600 PLN
Okres realizacji:	2012-2015
Opis projektu:	<p>Cel badań:</p> <p>Orzęski (Protista, Ciliophora) posiadają złożoną strukturę gatunku tj. w obrębie szeregu ich rodzajów, gatunki morfologiczne (taksonomiczne) są zróżnicowane na odrębne gatunki kryptyczne, z izolowanymi pulami genowymi, zwane syngenami.</p> <p>Istotnym jest poznanie bioróżnorodności otaczającego nas świata, zwłaszcza struktury gatunków modelowych w badaniach genetycznych (klasycznych i molekularnych), fizjologicznych, biochemicznych. Takim organizmem modelowym jest <i>Paramecium</i> (pantofelek), jednokomórkowy organizm eukariotyczny.</p> <p>W obrębie rodzaju <i>Paramecium</i> problemy specjacji poznane są dość dobrze w zespole gatunków <i>P. aurelia</i>, złożonego z 15 gatunków które uzyskały binominalne nazwy (14 nazwanych przez Sonneborna w 1975, kolejny <i>P. sonneborni</i> opisany w 1983 przez Aufderheide i innych).</p> <p>Wobec braku jednoznacznej definicji gatunku u pierwotniaków, ich złożonej struktury gatunku konieczne były i są dalsze badania, zwłaszcza gatunków o nierozstrzygniętej dotychczas strukturze, jak <i>P. jenningsi</i>.</p> <p>Problem istnienia gatunków kryptycznych (lub biologicznych) u <i>P. jenningsi</i> wymagał ostatecznego zbadania i rozstrzygnięcia. Powyższy cel było istotny dla poznania filogenezy podrodzaju <i>Paramecium</i>, oraz wnioskowania kiedy mogło nastąpić rozdzielenie linii filogenetycznych prowadzących do zespołu gatunków <i>P. aurelia</i>, <i>P. jenningsi</i> i <i>P. schewiakoffi</i>.</p>

	<p>Uzyskane wyniki i wnioski:</p> <p>Wszystkie badane szczepy i gatunki <i>P. jenningsi</i> zostały przebadane dla określenia ich biologii (występowanie i przebieg autogamii i koniugacji), przebadane cytologicznie (wykonano preparaty i dokumentację fotograficzną ich aparatu jądrowego osobników wegetatywnych i autogamicznych) i dokonano pomiarów (komórki, makrojąder i mikrojąder). Analizy filogenetyczne (oparte o 16 fragmentów genomu jądrowego i mitochondrialnego), z kolei, pozwoliły na ustalenie pokrewieństw i powiązań gatunków w podrodzaju <i>Paramecium</i>. Do ich przeprowadzenia zaprojektowano i po raz pierwszy z powodzeniem zastosowano nowe markery (mitochondrialne i jądrowe). Za ich pomocą zbadano powiązania filogenetyczne zespołu gatunków <i>P. aurelia</i>, <i>P. jenningsi</i> i <i>P. schewiakoffi</i>.</p> <p>Wyniki uzyskane w trakcie realizacji projektu istotnie przyczyniły się do poszerzenia wiedzy na temat bioróżnorodności i zależności ewolucyjnych w podrodzaju <i>Paramecium</i> a w szczególności:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Potwierdzono istnienie odrębnych gatunków biologicznych w obrębie <i>Paramecium jenningsi</i> Diller & Earl 1958 przy objęciu badaniami większej ilości szczepów (13) pochodzących w nowych stanowisk z różnych kontynentów, to jest z Azji, Ameryki Północnej i Środkowej, Afryki. 2. Uzyskane drzewa filogenetyczne, w oparciu o analizy fragmentów genomu jądrowego i mitochondrialnego, ujawniły wyraźną odrębność trzech grup szczepów, co jest zgodne z wynikami krzyżówek. Szczepy te mogą się krzyżować w obrębie tych grup, dając żywotne mieszańce w pokoleniach F1 i F2. 3. Powyższym grupom szczepów nadano nazwy gatunkowe: I - szczep z Indii (Bangalore), tylko jeden szczep, pierwotnie opisany przez Dillera i Earla zachowuje nazwę <i>Paramecium jenningsi</i>. II - szczepy (6) z Japonii, Florydy, Panamy, Ugandy i Madagaskaru - łącznie 10 szczepów, zostały nazwane <i>Paramecium tropicum</i>. III - szczepy z Arabii Saudyjskiej i Chin (Shanghai) – 2 szczepy, nazwano <i>Paramecium asiaticum</i>. 4. Zbadano też relacje <i>P. jenningsi</i> z blisko pokrewnymi gatunkami, to jest <i>P. schewiakoffi</i> i zespołem gatunków <i>P. aurelia</i>. W oparciu o uzyskane wyniki wysunięto wniosek, że nastąpiła gwałtowna radiacja (rozdzielenie) grupy <i>P. aurelia</i>-<i>P. jenningsi</i>-<i>P. schewiakoffi</i>, w wyniku której genetyczne, morfologiczne i molekularne granice między gatunkami nie są zgodne.
<p>Publikacje:</p>	<p>Przyboś E., Tarcz S. <i>Paramecium jenningsi</i> complex – existence of three, cryptic species confirmed by multi-locus analysis and strain crosses (w przygotowaniu)</p> <p>Przyboś E., Tarcz S., Rautian M., Sawka N. (2015). Delimiting species boundaries within a parapatric species complex: Insights from morphological, genetic, and molecular data on <i>Paramecium sonneborni</i> (<i>Paramecium aurelia</i> species complex, Ciliophora, Protozoa). <i>Protist</i> 166: 438-456.</p> <p>Przyboś E., Tarcz S., Rautian M., Lebedeva N. (2014). The first European stand of <i>Paramecium sonneborni</i> (<i>P. aurelia</i> complex), a species known only from North America (Texas, USA). <i>European Journal of Protistology</i> 50: 236-247.</p> <p>Przyboś E., Tarcz S. (2013) Three-locus analysis in conjunction with strain crosses confirms the existence of reproductively isolated populations in <i>Paramecium jenningsi</i> (Diller and Earl 1958). <i>Systematics and Biodiversity</i> 11: 507–523.</p>