

Czy geny przetwarzające antygen koewoluują z genami zgodności tkankowej (MHC) klasy I u płazów ogoniastych?

Układ odpornościowy pozwala organizmom wykryć i zwalczyć atakujące je patogeny. U większości gatunków występuje jedynie odporność nieswoista, reagująca szybko, lecz mało precyzyjnie. U kręgowców pojawił się natomiast układ odporności swoistej, które działa precyzyjnie przeciwko konkretnemu patogenowi i zapamiętuje go, aby szybko zwalczyć w przypadku ponownej infekcji. Zrozumienie mechanizmów ewolucji genów zaangażowanych w odporność swoistą jest istotne nie tylko z poznawczego punktu widzenia, lecz również ze względu na znaczenie w ochronie gatunkowej. W niniejszym projekcie planujemy sprawdzić, czy geny przygotowujące antygeny (*Antigen Processing Genes*, APG) dla białek zgodności tkankowej klasy I (MHC I) koewoluują z genami MHC I u płazów ogoniastych. Koewolucja w tym przypadku oznacza, że zmiany w jednym z typów genów, pociągają za sobą zmiany w drugim typie. APG przygotowują produkty trawienia białek patogenów (antygeny) w taki sposób, aby białka MHC I mogły pokazać je komórkom układu odpornościowego, które dzięki temu rozpoznają i zniszczą patogen. Hipoteza koewolucji mówi, iż białko MHC I pokazuje najbardziej wydajnie antygeny przygotowane przez warianty białka APG współwystępujące na tym samym chromosomie. Ponieważ geny MHC I wykazują zwykle wysoką zmienność genetyczną, koewolucja powodowałaby wysoką zmienność APG, co rzeczywiście zaobserwowano u kilku gatunków. Część naukowców uważa, iż koewolucja występowała u przodka kręgowców i jest powszechna wśród żyjących obecnie gatunków z wyjątkiem ssaków. Naszym jednak zdaniem, dane na temat genów MHC (w mniejszym stopniu APG, gdyż te są słabo zbadane) w kilku grupach kręgowców stoją w sprzeczności z przewidywaniami hipotezy koewolucji. Jedną z takich grup są płazy ogoniaste (salamandry i traszki), stara linia ewolucyjna, która oddzieliła się od innych kręgowców ok. 300 mln lat temu. Ponieważ z hipotezy koewolucji wynika kilka przewidywań, które można sprawdzić przy użyciu sekwencji MHC I i APG, w projekcie zamierzamy przetestować tę hipotezę badając DNA 25 gatunków salamander i traszek.

Testowanie hipotezy koewolucji jest ważne, gdyż niektórzy naukowcy uważają, że koewolucja nakłada ograniczenie na efektywność i elastyczność swoistego układu odpornościowego. Jeżeli tak jest rzeczywiście, można się spodziewać, że dobór naturalny działał w różnych liniach ewolucyjnych w taki sposób, aby usunąć to ograniczenie, tak, jak stało się u ssaków. Możliwe jednak również, iż koewolucja może zachodzić bez negatywnego wpływu na efektywność i elastyczność odpowiedzi swoistej. Wyjaśnienie tych zagadnień ma fundamentalne znaczenie dla zrozumienia mechanizmów kształtujących ewolucję swoistego układu odpornościowego. Dlatego wyniki proponowanego projektu spotkają się prawdopodobnie z dużym zainteresowaniem naukowców zajmujących się różnymi aspektami badań nad ewolucją. Wyniki uzyskane w projekcie będą również miały znaczenia dla ochrony płazów, najbardziej zagrożonej na poziomie globalnym gromady kręgowców. Ogromne niebezpieczeństwo dla płazów stanowią choroby zakaźne powodowane przez wirusy i grzyby.