

Imię i nazwisko:	Heliodor Wierzbicki
Tytuł i/lub stopień naukowy:	dr hab. inż.
Jednostka macierzysta (Instytut/Katedra):	Katedra Genetyki
Adres e-mail:	heliodor.wierzbicki@upwr.edu.pl
ORCID:	0000-0003-4937-556X
Baza wiedzy UPWr - link	https://bazawiedzy.upwr.edu.pl/info.seam?id=UPWr6977af4b2a7b4a99bf7cce8ce72c0915&affil=&lang=pl
Researchgate:	-
Osobista strona internetowa / Strona internetowa zespołu badawczego:	-
Dorobek projektowy z ostatnich 5 lat (chronologicznie z rozróżnieniem kierownik, wykonawca)	-
Czy w pracę doktorską będzie zaangażowany drugi promotor albo promotor pomocniczy?	Tak
	promotor pomocniczy
Imię i nazwisko:	Adam Dawid Urantówka
Stopień naukowy:	dr
Jednostka macierzysta:	Katedra Genetyki
Adres e-mail:	adam.urantowka@upwr.edu.pl
ORCID:	0000-0003-1144-0549
Baza wiedzy - link (dotyczy pracowników UPWr)/Najważniejsze publikacje (lista JCR) i patenty z ostatnich 3 lat - max po 5 pozycji (w przypadku osób spoza UPWr)	https://bazawiedzy.upwr.edu.pl/info/author/UPWr3ef3b2e89b8946928d744e8501b3d643/Adam%2BUrant%25C3%25B3wka?r=publication&affil=&tab=publications&conversationPropagation=begin&sort=&lang=pl
Researchgate:	-
Osobista strona internetowa / Strona internetowa zespołu badawczego:	-
Dorobek projektowy z ostatnich 5 lat (chronologicznie z rozróżnieniem kierownik, wykonawca)	1.Odtwarzanie dobrze rozwiązanych relacji filogenetycznych w rzędzie papug Psittaciformes w oparciu o wiele markerów jądrowych i kompletne genomy mitochondrialne. (2015-2020); grant Narodowego Centrum Nauki OPUS 9; 2015/17/B/NZ8/02402; wykonawca 2.Analiza ewolucji genomów mitochondrialnych papug na przykładzie rodzaju Amazona (rząd: Psittaciformes). (od 2017 roku); grant Narodowego Centrum Nauki PRELUDIUM 13; 2017/25/N/NZ8/01197; wykonawca
Tematyka badawcza i jej finansowanie	
1) Temat proponowanej pracy doktorskiej:	„Porównawcza genomika mitochondrialna ptaków: analiza funkcjonalności zduplikowanych genów i regionu kontrolnego”
2) Dyscyplina w której realizowana będzie rozprawa doktorska (zgodna z SD UPWr):	nauki biologiczne
3) Zakres tematyczny – problem badawczy do rozwiązania, do którego poszukuje się doktoranta:	<p>Genomy mitochondrialne kregowców są powszechnie uważane za wysoce konserwatywne. Zazwyczaj posiadają pojedynczy zestaw tych samych genów (22 tRNA, 13 białek, 2rRNA) oraz jeden niekodujący region kontrolny (CR). Pojedynczy porządek genów zidentyfikowano pierwotnie w genomie mitochondrialnym kury (<i>Gallus gallus</i>) i jest on obecnie najpowszechniej identyfikowanym u ptaków. Jednakże rosnąca w ostatnich latach liczba zsekwenconowanych ptasich genomów mitochondrialnych wykazała, że inne porządki genów mogą występować w tej grupie kregowców częściej niż dotychczas uważano. Jak dotąd opisano kilkadziesiąt porządków genów zawierających dwie kopie regionu kontrolnego i kilku przyległych genów. Obecność zduplikowanych elementów genomowych stwierdzono u gatunków należących do 32 spośród 43 wyodrębnionych ptasich rzędów. Liczba tych gatunków stale rośnie.</p> <p>Szczególnie interesujący jest fakt, że zduplikowane elementy w toku ewolucji mogą być: utrzymywane w niezmienniej postaci, ulegać pseudogenizacji lub degeneracji jak również usuwane w wybranych ptasich grupach. Jednakże, druga kopia regionu kontrolnego jest najrzadziej usuwanym elementem i ulega degeneracji tylko w nielicznych liniach ewolucyjnych. Prawdopodobnie wynika to z faktu, że obecność dwóch regionów kontrolnych w obrębie genomu mitochondrialnego może powodować korzyści selekcyjne polegające na zwiększeniu efektywności replikacji oraz transkrypcji jak również liczby genomów ulegających replikacji wewnątrz mitochondrium (jak dotąd wykazano to tylko u węży). W przypadku ptaków przypuszcza się, że obecność dwóch regionów kontrolnych wpływa na wzmocnienie aktywności oddechowej, kompensującej koszty metaboliczne związane z prędkością lotu, co wykazano na przykładzie krótko ogoniastych i długo ogoniastych gatunków papug. U ptaków zwiększona aktywność replikacyjną wynikająca z obecności dwóch regionów kontrolnych może też odgrywać ogromną rolę w kompensacji niższej niż u innych kregowców prędkości replikacji. Istotną rolę w tym procesie może również odgrywać druga kopia genu ND6, ponieważ wykazano dla kury domowej, iż wiele miejsc inicjujących replikację znajduje się również w obrębie tego genu. Dlatego należałoby się spodziewać, że utrzymanie przez genom mitochondrialny dwóch kopii genu ND6 może być u ptaków faworyzowane ewolucyjnie.</p> <p>W oparciu o obecny stan wiedzy cele badawcze projektu są wytyczone przez następujące pytania:</p> <ul style="list-style-type: none"> - które grupy ptaków posiadają genomy mitochondrialne zawierające duplikacje. - jakie porządki genów zawierają te genomy? - dla jakich ptasich grup duplikacja w obrębie genomu mitochondrialnego była stanem ancestralnym? - które ptasie linie ewolucyjne utrzymały duplikacje, a które ją utraciły? - czy utrzymywane ewolucyjnie duplikacje ulegają zmianie? Jeśli tak to w jaki sposób? Jaki jest stopień degeneracji? - czy zmiany ewolucyjne zduplikowanych elementów (w tym potencjalne degeneracje sekwencji) wpływają na funkcjonalność kodowanych genów. - czy ewolucyjne zmiany w sekwencji obu kopii regionów kontrolnych wpływają na ich aktywność replikacyjną i transkrypcyjną (analiza budowy domenowej regionów kontrolnych oraz obecności w ich obrębie motywów sekwencyjnych powiązanych z tymi aktywnościami u kregowców) <p>Analizie bioinformatycznej zostaną poddane: genomy mitochondrialne obecnie zdeponowane w bazie danych GenBank (około 1800 sekwencji); genomy mitochondrialne, które zostaną zdeponowane w tej bazie w trakcie trwania pracy doktorskiej oraz sekwencje kluczowych gatunków, które zostaną przez doktoranta powielone i zsekwenconowane w ramach pracy doktorskiej.</p>
4) Podstawowe oczekiwania wobec kandydata na doktoranta (np. ukończone studia, specjalizacje; znajomość programów, języków, technik analitycznych):	<ul style="list-style-type: none"> - ukończone studia na kierunku biologicznym, - podstawowa wiedza dotycząca ewolucji ptaków na poziomie genomu mitochondrialnego i jądrowego, - gotowość do podjęcia intensywnej pracy laboratoryjnej oraz bioinformatycznej, - gotowość do nauki wybranych metod biologii molekularnej oraz wielu zaawansowanych metod analizy bioinformatycznej na poziomie sekwencji nukleotydowych, - motywacja do pracy naukowej, - znajomość języka angielskiego na poziomie pozwalającym na posługiwanie się literaturą naukową, - umiejętność pracy w zespole, - doświadczenie w pracy laboratoryjnej (izolacja kwasów nukleinowych z krwi, piór, tkanki mięśniowej oraz odchodów; przygotowywanie reakcji PCR; oczyszczanie powielonych fragmentów DNA), - umiejętność planowania eksperymentów (w tym reakcji PCR pozwalających na powielenie genomu mitochondrialnego w nachodzących na siebie fragmentach), - umiejętność zaplanowania reakcji PCR pozwalających na rozdzielenie zduplikowanych fragmentów genomu do odrębnych ampikonów, - umiejętność analizy danych biologicznych (w tym wyników sekwencjonowania reakcji PCR), - umiejętność składania pełnej sekwencji genomu mitochondrialnego w oparciu o dostępne sekwencje referencyjne, - umiejętność annotowania uzyskanych sekwencji mitochondrialnych, - doświadczenie w korzystaniu z podstawowych narzędzi bioinformatycznych pozwalających na stwierdzenie obecności w uzyskanych sekwencjach pseudogenów PCG oraz tRNA.
5) Finansowanie zewnętrzne dedykowane badaniom realizowanym w pracy doktorskiej	
a) Tytuł projektu:	Identyfikacja i analiza zduplikowanych elementów w genomach mitochondrialnych ptaków - pytanie o pierwotny porządek genów
b) Nr umowy:	złożony (OPUS 20)
c) Przewidziana długość finansowania badań doktoranta w ramach projektu (w mc; licząc od rozpoczęcia kształcenia w SD UPWr od października 2021):	33
6) Link do strony projektu:	