

Ewolucja kariotypu w rodzaju *Crepis*

Rodzaj *Crepis* (Asteraceae) obejmuje około 200 gatunków jednorocznych i wieloletnich roślin zielnych rozpowszechnionych głównie w Eurazji i Afryce Północnej. Większość gatunków *Crepis* to diploidy, których kariotypy zawierają kilka par stosunkowo dużych i dobrze zróżnicowanych morfologicznie chromosomów. Cechy te sprawiły, że rodzaj *Crepis* od prawie 100 lat wykorzystywany jest w badaniach cytogenetycznych. Kariotyp to kompletny zestaw chromosomów w komórkach somatycznych. Liczba, wielkość jak i struktura chromosomów wchodzących w skład kariotypu jest cechą charakterystyczną dla gatunku. Porównawcze badania struktury kariotypu gatunków należących do jednego rodzaju dostarczają cennych informacji na temat zależności filogenetycznych między gatunkami, a także pozwalają na stawianie hipotez na temat mechanizmów ewolucyjnych towarzyszących różnicowaniu się i specjacji gatunków. Pierwszą kompleksową hipotezę opisującą filogenezę i ewolucję kariotypu *Crepis* przedstawił ponad 50 lat temu Babcock. Zgodnie z tą hipotezą ewolucji rodzaju *Crepis* towarzyszyły rearanżacje chromosomowe prowadzące do redukcji podstawowej liczby chromosomów. Pogląd ten zyskał dużą popularność i był często cytowany, jednak najnowsze badania nad filogenezą *Crepis* zaprzeczają hipotezie Babcock'a. Celem proponowanego projektu będzie poznanie i lepsze zrozumienie kierunków i typów przemian chromosomowych towarzyszących różnicowaniu się i specjacji gatunków z rodzaju *Crepis*. Do realizacji tego celu konieczne jest poznanie zależności filogenetycznych pomiędzy badanymi gatunkami, czemu służyć będą planowane analizy filogenetyczne *Crepis* z zastosowaniem kilku plastydowych i jądrowych markerów DNA. Otrzymane drzewa zależności filogenetycznych umożliwią przeprowadzenie porównawczych analiz struktury kariotypu różnych gatunków *Crepis* pod względem liczby i morfologii chromosomów, wielkości genomu i lokalizacji określonych sekwencji DNA. W planowanym projekcie do badań kariotypów zostaną wykorzystane sekwencje genów rRNA. Sekwencje kodujące genów rRNA są bardzo konserwatywne ewolucyjnie. Dzięki temu sekwencje wyizolowane z gatunków modelowych można używać w FISH (fluorescencyjna hybrydyzacja *in situ*) jako sond DNA, do mapowania loci genów rRNA w chromosomach nawet odległych ewolucyjnie gatunków. Ponadto w analizach kariotypów wykorzystane zostaną także sekwencje satelitarne. W rodzaju *Crepis* sekwencje satelitarne wyizolowane zostały tylko z genomu jednego gatunku *C. capillaris*, dlatego planuje się wykorzystanie technik sekwencjonowania nowej generacji (NGS) do globalnej analizy frakcji powtarzalnego DNA w genomach kilku wybranych gatunków *Crepis*. Analizy bioinformatyczne pozwolą na identyfikację potencjalnych sekwencji satelitarnych, których organizacja genomowa i chromosomowa będzie weryfikowana metodami molekularnymi i cytogenetycznymi. Połączenie wyników analiz filogenetycznych i cytogenetycznych pozwoli na stawianie hipotez na temat trendów i kierunków ewolucji kariotypów roślinnych. Otrzymane wyniki pozwolą na lepsze zrozumienie znaczenia przemian chromosomowych w różnicowaniu się i specjacji gatunków.