

Popularnonaukowe streszczenie projektu:

Koliste cząsteczki DNA (eccDNA) występują powszechnie w komórkach eukariotycznych. Poza materiałem genetycznym organelli półautonomicznych: mitochondriów i chloroplastów (mtDNA, cpDNA) u Eukarya spotyka się też koliste cząsteczki DNA pochodzące od kanonicznych, liniowych *loci* chromosomowych. Powstawanie kolistych DNA jest silnie związane z plastycznością genomów. Niektóre z nich są obecne w komórce cały czas, podczas gdy inne pojawiają się w wyniku stanów chorobowych czy w odpowiedzi na stres.

Duża zmienność tych cząsteczek, ich zróżnicowana wielkość, a także obecność rejonów zawierających powtórzenia utrudniają przyrównywanie i analizę sekwencji kolistych DNA. W zestawach danych pochodzących z sekwencjonowania całych genomów zazwyczaj odczyty pochodzące od tych cząsteczek pozostają niedoreprezentowane lub też odrzucane jako szum informacyjny. Z tego powodu, mimo iż koliste DNA są od dawna znane nauce, wiedza na temat ich zasobu w komórkach, funkcji biologicznych oraz mechanizmów ich formowania pozostaje znikoma. W przypadku klejnotek (Euglenida, Euglenozoa, Excavata) dotychczasowe informacje są nader skąpe.

Głównym celem przedstawionego projektu jest zbadanie zasobu kolistych cząsteczek DNA zarówno w obrębie danego gatunku, jak również pomiędzy różnymi, odmiennymi metabolicznie przedstawicielami klejnotek – fototroficzną *Euglena gracilis* oraz *E. longa*, która utraciła zdolność do fotosyntezy. W ramach badań zostaną scharakteryzowane cząsteczki występujące w komórkach w optymalnych warunkach hodowli, a także pod wpływem stresu. W projekcie zostaną wykorzystane innowacyjne metody preparatyki oraz niedawno opracowane narzędzia algorytmiczne. Uzyskane dane zostaną też zweryfikowane eksperymentalnie.

Realizacja tego projektu znacząco przyczyni się do wzbogacenia wiedzy na temat organizacji materiału genetycznego klejnotek oraz dynamiki ich genomów. Mamy nadzieję, że rezultaty uzyskane w ramach niniejszego projektu przyczynią się do lepszego poznania mechanizmów odpowiedzialnych za biogenezę i zróżnicowanie eccDNA. Umożliwią też pełniejsze zrozumienie czynników wpływających na plastyczność genomów eukariotycznych – zwłaszcza u organizmów klonalnych, jakimi są klejnotki.