

Mejoza jest podziałem komórkowym, który ma na celu wygenerowanie komórek rozrodczych. Jest także podziałem redukującym, co oznacza, że komórki potomne mają 50% materiału genetycznego komórki rodzicielskiej. Aby mejoza zakończyła się sukcesem, musi dojść do procesu wzajemnej wymiany materiału genetycznego pomiędzy chromosomami homologicznymi, który nazywany jest „crossing-over”. Zdarzenia crossing-over są jednakże relatywnie rzadkie. Ponadto, nie zachodzą one losowo, ponieważ dowiedziono już, że procesy crossing-over są zapoczątkowane poprzez zaprogramowane, dwuniciowe pęknięcia DNA. Dodatkowo, crossing-over mogą być generowane przez inne procesy oraz mogą wpływać na lokalizację innych takich zdarzeń w swoim sąsiedztwie. Co więcej, dystrybucja zdarzeń crossover wzdłuż chromosomu, jest wrażliwa na poziom zróżnicowania genetycznego pomiędzy chromosomami homologicznymi. Formowanie się zdarzeń crossing-over stanowi obiekt badań od bardzo długiego czasu, jednakże nadal dokładnie nie wiadomo jak wybierane jest miejsce, w którym dochodzi do wzajemnej wymiany DNA pomiędzy chromosomami homologicznymi.

Korzystając z informacji zgromadzonych dotychczas, proponujemy białko MutL $\gamma$  jako odpowiedzialne za wskazywanie miejsc, w których ma dojść do procesu crossing-over. U rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana* zaobserwowano, że liczba kompleksów MutL $\gamma$  przyłączonych do chromosomu, jest równa liczbie crossing-over. Uważamy, że kompleks ten może pełnić funkcje regulujące w kontekście zachodzenia wzajemnej wymiany materiału genetycznego, na co wskazują nasze wstępne badania w wyniku których zaobserwowano spadek liczby crossing-over, gdy MutL $\gamma$  jest нефункциональный. Nasze badania wskazują także, że gdy zwiększymy poziom zróżnicowania genetycznego pomiędzy chromosomami homologicznymi oraz ilość MutL $\gamma$ , można zaobserwować relatywny wzrost częstotliwości zachodzenia crossing-over.

Celem tego badania jest dowiedzenie prawdziwej roli MutL $\gamma$  w formowaniu się zdarzeń crossing-over. Uważamy, że w przypadku MutL $\gamma$  obserwowany jest efekt liczby funkcjonalnych kopii genu (ang. „dosage effect”) oraz, że jego aktywność uzależniona jest od zróżnicowania genetycznego chromosomów homologicznych. Innymi słowy, częstotliwość zachodzenia crossing-over powinna w pozytywny sposób korelować z ilością MutL $\gamma$ . Ponadto, aktywność kompleksu MutL $\gamma$  sprzyjająca formowaniu się zdarzeń crossing-over powinna być wyższa w rejonach, gdzie sekwencje pomiędzy chromosomami homologicznymi prezentują wyższy poziom zróżnicowania genetycznego. Należy podkreślić, że wyniki tej pracy mogą znacząco wpłynąć na proces hodowli roślin uprawnych. Znalezienie czynnika, odpowiedzialnego za tasowanie genetyczne umożliwiłoby hodowcom decydowanie o pozycjach, w których zachodziłoby crossing-over i tym samym znacząco ułatwiło dobieranie korzystnych cech w czasie tworzenia nowych odmian.