

Powiązania ewolucyjne w rodzaju *Daucus*: cytogenetyczna i morfo-anatomiczna analiza porównawcza dzikich krewniaków marchwi

Konieczność zwiększenia zdolności produkcyjnej roślin uprawnych w celu wyżywienia stale rosnącej populacji ludzkiej stała się realnym wyzwaniem, szczególnie że różnorodność świata roślinnego jest narażona na niebezpieczeństwa związane z ciągłymi zmianami klimatu i działalnością człowieka. Dodatkowym zagrożeniem dla upraw rolniczych są dotykające je choroby i szkodniki. Obecnie realizowane programy hodowlane wykorzystują nowe źródła zmienności genetycznej, dzięki czemu mogą powstać odmiany roślin o zwiększonych właściwościach adaptacyjnych. Istotną rolę w tym procesie pełnią dzikie gatunki roślin uprawnych, będące źródłem genów użytecznych z punktu widzenia hodowli roślin. Stąd też lepsze zrozumienie powiązań filogenetycznych między dzikimi gatunkami może przynieść korzyści w przyszłych programach hodowlanych.

Rodzaj *Daucus* obejmuje około 40 dzikich gatunków oraz marchew uprawną (*D. carota* subsp. *sativus* Hoffm.). Ta ostatnia jest najistotniejszym przedstawicielem rodziny Apiaceae i jednym z najważniejszych warzyw korzeniowych na świecie, stanowiąc główne źródło prowitaminy A w diecie człowieka. Pod względem morfologicznym i genetycznym gatunki rodzaju *Daucus* są bardzo zróżnicowane i mimo wielu lat badań (morfologicznych, anatomicznych i molekularnych), relacje taksonomiczne i filogenetyczne pomiędzy nimi są wciąż nie w pełni wyjaśnione. Stąd, w celu lepszego zrozumienia tych relacji, wykorzystanie informacji opartych na danych cytogenetycznych (chromosomowych) może być niezwykle przydatne.

Każdy gatunek ma swój unikalny kariotyp, czyli zestaw chromosomów o określonej liczbie i morfologii, który – pod względem strukturalnym i funkcjonalnym – stanowi najwyższy poziom organizacji genomu jądrowego. Porównując chromosomy różnych gatunków, wiele można się dowiedzieć o kierunkach ewolucji kariotypów i ich znaczeniu dla specjacji i różnorodności biologicznej. Potwierdzono, że ważną rolę w procesie kształtowania kariotypów pełnią powtarzalne (repetytywne) sekwencje DNA, gdyż cechuje je wysokie tempo ewolucyjne, prowadzące do dużej zmienności w ich rozmieszczeniu i liczbie kopii. To z kolei sprawia, że są one niezwykle użyteczne w badaniach porównawczych, dotyczących powiązań ewolucyjnych i filogenetycznych między gatunkami. Oprócz tego sekwencje powtarzalne mają tendencję do tworzenia skupisk, dzięki czemu można je łatwo wykryć metodami cytogenetyki molekularnej.

W ramach projektu wyznaczone zostały następujące cele:

- określenie lokalizacji chromosomowej głównych rodzin sekwencji powtarzalnych (zidentyfikowanych w genomie marchwi uprawnej) w genomach wybranych dzikich przedstawicieli rodzaju *Daucus* i gatunków pokrewnych, wykorzystując fluorescencyjną hybrydyzację *in situ*;
- ustalenie, czy sekwencje te mogą posłużyć do identyfikacji rearanzacji chromosomowych u badanych gatunków;
- oszacowanie wielkości genomu jądrowego badanych gatunków za pomocą cytometrii przepływowowej;
- porównanie wybranych cech morfo-anatomicznych pyłku i nasion tych gatunków w odniesieniu do aktualnej filogenezy i taksonomii rodzaju *Daucus*.

Realizacja tych celów i integracja uzyskanych wyników pozwolą lepiej zrozumieć zagadnienia dotyczące ewolucji genomów i filogenezy rodzaju *Daucus*, a w szczególności zbliżą nas do odpowiedzi na pytania: (1) Jak kształtowały się relacje ewolucyjne u gatunków z rodzaju *Daucus* na poziomie chromosomowym? (2) Jakie były kierunki zmian ewolucyjnych w ich kariotypach? (3) Jak ważną rolę w tym procesie odegrały sekwencje repetytywne? (4) Czy dane morfo-anatomiczne pyłku i nasion mogą być użyteczne z punktu widzenia wyjaśniania powiązań ewolucyjnych między gatunkami rodzaju *Daucus*?

Uzyskane informacje o genomach dzikich gatunków *Daucus* w odniesieniu do genomu marchwi uprawnej mogą zostać wykorzystane w przyszłych programach hodowlanych do tworzenia nowych odmian tego wartościowego warzywa.