

Podczas mejozy pojedyncza komórka dzieli się na cztery komórki potomne. Owe komórki potomne posiadają jedynie połowę materiału genetycznego (DNA) komórki macierzystej i nazywane są gametami. Podczas zapłodnienia gameta od matki (komórka jajowa) łączy się z gametą ojca (plemnikiem), by utworzyć zygotę, która posiada całkowity zestaw DNA i ostatecznie rozwinię się w nowy organizm. Kto jednak decyduje, która porcja materiału genetycznego rodzica dostanie się do gamety (a więc która połowa)?

Organizm diploidalny zawiera dwa zestawy DNA, które upakowane jest w struktury nazywane chromosomami, a każdy chromosom występuje w dwóch kopiach. Podczas mejozy zachodzi proces crossing-over (inaczej nazywany rekombinacją mejozytyczną), gdzie chromosomy łączą się ze swoimi identycznymi partnerami, homologami, i wymieniają się między sobą fragmentami DNA. Ta wymiana fragmentów chromosomów generuje nowe kombinacje genetyczne w potomstwie – dlatego właśnie rodzeństwo nie jest identyczne.

Wiele czynników wpływa na lokalizację i częstotliwość zachodzenia rekombinacji mejozytycznej. Jednym z nich jest obecność polimorfizmów. DNA składa się z dwóch nici, zbudowanych z małych cegiełek nazywanych nukleotydami. Każdy nukleotyd zawiera jedną z czterech zasad azotowych, które łączą się z zasadą azotową z drugiej nici DNA w ściśle określony sposób. Polimorfizmy (niesparowane nukleotydy, ang. *mismatch*) pojawiają się, gdy zasada połączy się z nieprawidłowym partnerem. Polimorfizmy mogą zostać rozpoznane i naprawione przez konserwatywny mechanizm nazywany systemem naprawy błędnie sparowanych nukleotydów (ang. *mismatch repair system*, MMR). Nasze poprzednie badania udowodniły, że elementy systemu MMR mogą wpływać na dystrybucję crossing-over w odpowiedzi na obecność polimorfizmów. W zaproponowanym projekcie planujemy zbadać ewentualne genetyczne interakcje pomiędzy systemem MMR a białkami uczestniczącymi w formowaniu zdarzeń crossing-over, ponieważ niektóre z tych białek również mogą reagować na obecność niesparowanych nukleotydów.

Nasze prace mogą rzucić więcej światła na temat decyzji o formowaniu crossing-over i zbliżyć nas do precyzyjnego projektowania rekombinacji u roślin. Hodowcy chcieliby mieć możliwość kierowania zdarzeń crossing-over w konkretne miejsca na chromosomie, w których znajdują się pożądane geny – na przykład te odpowiedzialne za wyższą produktywność czy odporność na stresy środowiskowe.