

Ewolucja sekwencji powtarzalnych DNA w genomach *Brachypodium*

Organizmy modelowe wykazują szereg cech (np. mały genom i łatwość hodowli w warunkach laboratoryjnych), które ułatwiają ich wykorzystywanie w badaniach naukowych. Dane uzyskane w eksperymentach wykorzystujących takie uproszczone systemy mogą pomóc w lepszym zrozumieniu mechanizmów ewolucji czy funkcjonowania wszystkich organizmów danej grupy. Dwadzieścia lat temu gatunek *Brachypodium distachyon* został zaproponowany jako organizm modelowy w badaniach nad złożonymi genomami ważnych z ekonomicznego punktu widzenia traw. Jest to takson obejmujący najważniejsze zboża, takie jak: pszenica, kukurydza i jęczmień. Obecnie jego pozycja jako organizmu modelowego jest już dobrze ugruntowana. Prowadzone w ostatnich latach badania pozwoliły między innymi na utworzenie bibliotek klonów BAC (biblioteki genomowe zawierające długie fragmenty DNA). Dostępna jest także całogenomowa sekwencja DNA *B. distachyon*. Opracowane dla *B. distachyon* zasoby są wykorzystywane także w badaniach ewolucyjnych i filogenetycznych całego rodzaju *Brachypodium*. Jest to takson liczący około dwudziestu diploidalnych i poliploidalnych gatunków, które cechują się posiadaniem małego genomu i bardzo zróżnicowaną liczbą chromosomów. Wykazano, że ewolucji tego rodzaju towarzyszyły rearanżacje chromosomowe, głównie fuzje insercyjne (translokacje całych chromosomów w obszar centromerowy innego chromosomu; ang. *Nested Chromosome Fusion*). Badania nad ewolucją wielu rodzajów roślin pokazały, że przemianom chromosomowym często towarzyszy reorganizacja sekwencji powtarzalnych, które uważane są za jedną z głównych sił napędowych ewolucji genomu. Sekwencje powtarzalne występują w dużej liczbie kopii w genomach jądrowych i mogą stanowić, zwłaszcza u roślin wyższych, ponad 90% wszystkich sekwencji całego genomu. Zatem wiedza o tej stosunkowo szybko ewoluującej frakcji DNA jest niezbędna do stawiania hipotez i wyciągania wniosków na temat mechanizmów ewolucji genomu roślinnego. Technologie NGS (Sekwencjonowanie Nowej Generacji; ang. *Next Generation Sequencing*) są z powodzeniem wykorzystywane do badań sekwencji powtarzalnych w genomach roślin. W ramach niniejszego projektu zostanie przeprowadzona kompleksowa analiza frakcji powtarzalnego DNA w genomach gatunków *Brachypodium*. Wyniki sekwencjonowania NGS będą najpierw analizowane metodami bioinformatycznymi a uzyskane wyniki będą weryfikowane z wykorzystaniem metod cytogenetycznych (fluorescencyjna hybrydyzacja *in situ*; FISH) i molekularnych (hybrydyzacja Southern) w celu określenia liczby powtórzeń, genomowej organizacji oraz chromosomowej lokalizacji, zidentyfikowanych rodzin elementów powtarzalnych. **Planowane analizy mają na celu testowanie następujących hipotez: (i) Amplifikacja i organizacja sekwencji powtarzalnych w genomach *Brachypodium* jest skorelowana z zależnościami filogenetycznymi opisanymi dla tego rodzaju; (ii) Po hybrydyzacji i poliploidyzacji w genomie allotetraploidalnego *B. hybridum* miała miejsce reorganizacja sekwencji powtarzalnych oraz (iii) Występujące w genomach *Brachypodium* rodziny sekwencji powtarzalnych cechują się różnym tempem oraz kierunkiem ewolucji.** Porównanie liczby kopii, genomowej organizacji oraz rozmieszczenia w chromosomach poszczególnych rodzin sekwencji powtarzalnych u gatunków *Brachypodium* umożliwi charakterystykę ewolucyjnych trendów różnych typów sekwencji powtarzalnych, które towarzyszyły specjacji i różnicowaniu się rodzaju. Zaproponowane podejście badawcze pozwoli na sporządzenie kompletnego obrazu organizacji sekwencji powtarzalnych w genomach diploidalnych i poliploidalnych gatunków *Brachypodium*. Porównawcza analiza trendów ewolucyjnych różnych rodzin sekwencji powtarzalnych umożliwi poznanie mechanizmów leżących u podstaw różnicowania się i specjacji gatunków diploidalnych oraz ewolucji rodzicielskich subgenomów gatunków poliploidalnych. Dodatkowo, analizy powtarzalnego DNA w genomach *Brachypodium* pozwolą na lepsze zrozumienie filogenetycznych zależności między gatunkami należącymi do rodzaju.