

## **Odkrywanie genetycznych podstaw zmienności crossing-over u *Arabidopsis thaliana* poprzez wykorzystanie bioróżnorodności**

Mejoza występuje u wszystkich eukariotów (grupy, do której należą ludzie, zwierzęta i rośliny) podczas ich cyklu płciowego i jest procesem prowadzącym do powstania haploidalnych gamet przed zapłodnieniem. Proces ten ma fundamentalne znaczenie dla ewolucji, ponieważ właśnie podczas mejozy zachodzą przetasowania genetyczne. To właśnie dzięki temu potomstwo jest genetycznie różne, nawet jeśli ma tych samych rodziców. Ponadto, przetasowania genetyczne są szeroko stosowane w rolnictwie do otrzymania nowych odmian, na przykład w celu zwiększenia odporności na szkodniki. Tasowanie genetyczne jest wynikiem zająć zdarzeń crossing-over, które powodują wzajemną wymianę materiału genetycznego między chromosomami rodzicielskimi. Wiadomo jednak, że zdarzenia crossing-over nie zachodzą przypadkowo, ale są ściśle regulowane, zarówno pod względem liczby (nie więcej niż 2-3 zdarzenia na parę chromosomów), jak i lokalizacji wzdłuż chromosomów.

Niemniej jednak, obserwuje się znaczne różnice w kontroli rekombinacji mejozycznej zarówno między gatunkami, jak i w ich obrębie. Piotr Ziółkowski, kierownik laboratorium, w którym będzie realizowany projekt, przez ostatnie lata prowadził szereg badań, aby lepiej zrozumieć przyczynę takiej zmienności w roślinie modelowej, *Arabidopsis thaliana*. Jednym z ostatnich odkryć jest udowodnienie, że zmienność liczby zdarzeń crossing-over wiąże się z różnicami w sekwencji określonych genów między różnymi liniami *A. thaliana*. Jednak do tej pory sprawdzono bardzo niewiele linii. Ponadto, nie wiadomo, czy podobne mechanizmy genetyczne regulują dystrybucję zdarzeń crossing-over wzdłuż chromosomów.

Głównym celem proponowanego projektu jest identyfikacja nowych regulatorów genetycznych zdarzeń crossing-over (zarówno liczby, jak i lokalizacji) u roślin. W tym celu wykorzystamy zmienność genetyczną linii *A. thaliana* pochodzących z całego świata. Ta ogromna populacja zostanie następnie przebadana pod kątem zmienności w lokalizacji i liczbie zdarzeń crossing-over za pomocą narzędzi opracowanych specjalnie dla *A. thaliana*. Na koniec, przeprowadzone zostaną analizy loci cech ilościowych (QTL) i, po raz pierwszy, badania asocjacyjne całego genomu (GWAS), aby powiązać zmienność zachodzenia zdarzeń crossing-over z różnicami w sekwencji określonych genów między liniami *A. thaliana*. Analizy te dostarczą nam informacji o potencjalnie nowych genach, które mogą wpływać na zdarzenia crossing-over u roślin, a także narzędzi dla hodowców roślin w celu przyspieszenia otrzymania nowych odmian poprzez ułatwienie łączenia pożądaných cech.