

Informacja genetyczna zapisana jest na chromosomach - długich, ciasno upakowanych cząsteczkach DNA. W większości naszych komórek znajdują się dwa homologiczne zestawy chromosomów - po jednym odziedziczonym po każdym z rodziców. Rodzice również posiadają po dwa takie zestawy, dlatego w trakcie mejozy, podczas powstawania komórek rozrodczych, plemniki lub komórki jajowe otrzymują tylko jedną wersję danego chromosomu. Proces ten prowadzi do dużego zróżnicowania genetycznego komórek rozrodczych i w konsekwencji potomstwa. W trakcie mejozy zachodzi dodatkowe zjawisko, w wyniku którego różnorodność genetyczna zwiększa się jeszcze bardziej. Zanim homologiczne chromosomy zostaną losowo posegregowane między gametami, wymieniają się odpowiadającymi sobie fragmentami swoich "ramion". W wyniku tego procesu, zwanego "crossing-over", powstają zupełnie nowe wersje chromosomów o unikalnych kombinacjach alleli, czyli wersji genów.

Crossing-over jest jednym z głównych mechanizmów kształtujących różnorodność genetyczną, jednakże wciąż nie do końca wiemy jakie czynniki wpływają na jego chromosomową lokalizację. Wiemy, że rozmieszczenie crossing-over nie jest losowe i niektóre regiony rekombinują dużo częściej od innych. Zjawisko to jest dla nas szczególnie istotne w kontekście hodowli roślin. Częstość i lokalizacja crossing-over są czynnikami warunkującymi możliwość tworzenia i podtrzymywania korzystnych układów genów, wpływających na cechy użytkowe, takie jak wysokość plonowania czy odporność na stres środowiskowy. To z kolei bezpośrednio wpływa na ilość pożywienia lub innych zasobów, jakie jesteśmy w stanie uzyskać uprawiając daną roślinę.

W naszych badaniach chcemy określić jakie czynniki związane są ze zróżnicowaną częstością crossing-over obserwowaną w genomie rzepaku - ważnej rośliny oleistej i białkowej. Wykorzystując sekwencjonowanie długich fragmentów DNA chcemy sprawdzić, czy regiony, w których crossing-over obserwowane jest często, różnią się sekwencją DNA od regionów nieulegających rekombinacji. Dodatkowo, chcemy wykorzystać uczenie maszynowe do przewidywania potencjału rekombinacyjnego konkretnych miejsc genomu, bazując jedynie na ich sekwencji nukleotydowej.

Wyniki naszych badań mogą pomóc nam zrozumieć pewne aspekty crossing-over w rzepaku i roślinach ogólnie. W szczególności mamy nadzieję, że poszerzymy naszą wiedzę dotyczącą czynników wpływających na chromosomową lokalizację zachodzenia crossing-over, co z kolei mogłoby przybliżyć nas do bardziej kontrolowanego wykorzystania tego zjawiska w wytwarzaniu nowych odmian roślin.