

Każdy organizm, który rozmnaża się płciowo posiada podwójny zestaw genów- jeden pochodzący od ojca, a drugi od matki. Proces tworzenia gamet, czyli komórek jajowych i plemników u ludzi, zachodzi podczas mejozy, która redukuje materiał genetyczny o połowę. Dzięki temu po połączeniu gamet organizm potomny posiada również podwójny zestaw genów.

W trakcie mejozy zachodzą zdarzenia crossing-over, które pełnią dwie kluczowe funkcje. Po pierwsze, zapewniają one wymianę materiału genetycznego między chromosomami pochodzącymi od rodziców, co nazywa się rekombinacją meiotyczną. To sprawia, że rodzeństwo różni się genetycznie, choć mają tych samych rodziców. Dodatkowo, crossing-over odgrywa istotną rolę w prawidłowej segregacji chromosomów do komórek potomnych, co jest kluczowe dla prawidłowego funkcjonowania gamet. Nieprawidłowa segregacja chromosomów może prowadzić do wielu chorób genetycznych.

Liczba i lokalizacja crossing-over są ściśle kontrolowane. Zachodzą one w gorących miejscach rekombinacji tzw. hotspotach rekombinacji. Analiza historycznych map rekombinacji dwóch podgatunków ryżu wykazała, że zdecydowana większość hotspotów znajduje się w różnych miejscach, pomimo ich dużego pokrewieństwa. Co dokładnie determinuje lokalizację hotspotu rekombinacyjnego oraz jak zachodzi ich ewolucja w roślinach, zostało zbadane tylko w bardzo ograniczonym zakresie. W związku z tym, w ramach tego projektu będziemy badali jak bardzo zachowane są hotspoty w regionie przycentromerowym w roślinie modelowej *Arabidopsis thaliana*. Stworzymy mapy rekombinacji dla krzyżówek *Arabidopsis*, które są ewolucyjnie odległe od siebie. Dodatkowo, zbadamy, jak różnice strukturalne między różnymi liniami przyczyniają się do zmian w lokalizacji i zachowawczości hotspotów meiotycznych. Analiza naszych wyników pozwoli zidentyfikować czynniki genetyczne leżące u podstaw dystrybucji hotspotów.

Aktywność i lokalizacja hotspotów rekombinacyjnych zależą zarówno od czynników genetycznych, jak i epigenetycznych, co sprawia, że liczba i rozmieszczenie crossing-over wzdłuż chromosomu nie są przypadkowe. Dlatego drugim celem tego projektu jest zbadanie możliwości zmiany aktywności hotspotów poprzez lokalne modyfikowanie stanu chromatyny. W szczególności, będziemy dążyć do stworzenia systemu, który pozwoli na zmniejszenie aktywności określonych hotspotów w regionie przycentromerowym, co umożliwi kontrolowanie miejsc zachodzenia zdarzeń crossing-over.

Badania te dostarczą wniosków na temat zachodzenia crossing-over oraz zachowawczości hotspotów rekombinacyjnych między bardzo różnymi hybrydami *Arabidopsis*. Ponadto, wyjaśnimy w jakim stopniu stan upakowania chromatyny wpływa na rekombinację meiotyczną na poziomie hotspotów rekombinacyjnych w obrębie regionów przycentromerowych. Nasze wyniki przyczynią się do rozwoju nowatorskich strategii w inteligentnych praktykach hodowli roślin uprawnych.