

# Czynniki genetyczne w rekombinacji mejotycznej u *Arabidopsis thaliana*: mapowanie nowych modyfikatorów crossing-over i charakterystyka kompleksów MutL

Autor: Nadia Kbir

Promotor: Dr hab. Piotr A. Ziółkowski, prof. UAM

Dyscyplina: Nauki biologiczne

*Słowa kluczowe: Rekombinacja mejotyczna, crossing-over, polimorfizm, QTL, kompleksy MutL*

Rekombinacja crossing-over jest niezbędna do prawidłowej segregacji chromosomów i mieszania informacji genetycznej podczas mejozy. Pełniejsze zrozumienie procesów determinujących crossing-over i jego dystrybucję ma duże znaczenie dla hodowli roślin uprawnych. W tej pracy wykorzystuję „forward genetics” i „reverse genetics”, aby zidentyfikować i scharakteryzować czynniki mejotycznej rekombinacji crossing-over.

W pierwszym rozdziale pokrótce przedstawiam aktualny stan wiedzy na temat podziału komórek mejotycznych, szlaków pro- i antyrekombinacyjnych oraz innych czynników i zjawisk, które wpływają na częstotliwość i rozkład crossing-over.

W drugim rozdziale badam różnice w rozkładzie i częstości crossing-over, korelację między gęstością SNP a częstotliwością crossing-over oraz mapę rekombinacyjnych loci cech ilościowych w 5 populacjach *Arabidopsis*. Populacje te uzyskano z krzyżówek między linią referencyjną Col-0 i 5 ekotypami pochodzącymi z 5 różnych stref klimatycznych.

W trzecim i ostatnim rozdziale scharakteryzowałam wpływ poziomu ekspresji genów MutL na częstość crossing-over w określonych interwałach genomowych *Arabidopsis*. W tym celu użyłam linii mutantów i dwóch różnych poziomów nadekspresji. Moje główne wnioski są następujące: 1. U *Arabidopsis* MLH1 i MLH3, ale nie PMS1, wpływają na częstość rekombinacji w badanych interwałach. 2. MLH1 i MLH3 wykazują silną stabilizację dawki genu, gdzie zarówno utrata funkcji, jak i nadmierna nadekspresja są szkodliwe dla płodności roślin. 3. Charakterystyka cytogenetyczna pokazuje, że MLH1 jest niezbędny do tworzenia i zapewniania crossing-over.