

Imię i nazwisko: Wojciech Dzięgielewski

Tytuł: Funkcje chromatyny w transkrypcji, odpowiedzi na stres oraz rekombinacji mejotycznej u *Arabidopsis thaliana*

Streszczenie

Stopień kondensacji chromatyny wpływa na wiele procesów biologicznych w skali komórkowej, takich jak inicjacja transkrypcji genów czy rekombinacja mejotyczna. Z drugiej strony, drobne zmiany molekularne zachodzące na poziomie nukleosomalnym mogą wpływać na takie czynniki jak reakcja na stres czy różnorodność genetyczna na poziomie organizmalnym i populacyjnym.

W pierwszej części pracy zbadałem funkcje i wpływ modyfikatorów chromatyny na ekspresję genów odpowiedzi na stres u rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana*. Opisałem acetylotransferazę NuA4, która odpowiada za acetylację histonu H4 oraz wariantu H2A.Z. Obecność NuA4 jest niezbędna do ekspresji genów związanych ze wzrostem i fotosyntezą. Z drugiej strony NuA4 stymuluje depozycję H2A.Z w genach związanych z reakcją na stres, co ostatecznie prowadzi do ich wyciszenia w fizjologicznych warunkach. Następnie zbadałem rolę enzymu deacetylazy histonowej HDA19, która może specyficznie usuwać grupy acetylowe z H2A.Z i H3. Równowaga pomiędzy acetylacją i deacetylacją histonów tworzy zatem mechanizm zapobiegający spontanicznej ekspresji genów stresowych.

W dalszej części zbadałem możliwość modyfikowania chromatyny poprzez naprowadzanie systemu opartego na nieaktywnej katalitycznie endonukleazie dCas9. Wyniki wskazują na to, że lokalna rekrutacja peptydu VP64, prowadzi zarówno do zwiększonej ekspresji wybranego genu oraz do lokalnej reorganizacji w strukturze chromatyny, która może wpływać na zachodzenie rekombinacji mejotycznej (crossing-over, CO) w wybranym locus.

W drugiej części dysertacji przedstawiłem metody bioinformatyczne wykorzystywane w analizie danych NGS, ze szczególnym uwzględnieniem wykrywania zdarzeń crossing-over. Zaprojektowałem narzędzie internetowe oparte na środowisku RShiny, które pozwala na szybkie porównanie zestawów danych, pochodzących z różnych

Z komentarzem [PZ1]: Dopasować za zmianami w wersji angielskiej

opublikowanych do tej pory eksperymentów typu genotyping-by-sequencing (GBS). Dodatkowo przygotowałem prosty i skuteczny sposób określania miejsca zachodzenia crossing-over w skali hotspotu rekombinacyjnego, który wykorzystywany jest w metodzie *seed-typing*.

Podsumowując, przedstawiłem różne aspekty mojej działalności badawczej, począwszy od badań nad rolą chromatyny w ekspresji genów stresowych i rekombinacji meiotycznej, a skończywszy na podejściu obliczeniowym w analizie danych biologicznych.