

STRESZCZENIE

Powtarzalne sekwencje DNA, stanowiące istotny składnik genomów roślin, odgrywają kluczową rolę w strukturze, funkcjonowaniu i ewolucji genomu. Frakcja powtarzalnego DNA w genomach modelowego rodzaju traw *Brachypodium* pozostaje jednak stosunkowo słabo poznana. Rodzaj ten, dobrze scharakteryzowany pod względem zależności filogenetycznych i obejmujący zarówno gatunki diploidalne, jak i poliploidalne, stanowi doskonały model do badań nad ewolucyjną dynamiką powtarzalnych sekwencji DNA.

W ramach niniejszej pracy przeprowadzono dogłębną analizę porównawczą repeatomów przedstawicieli rodzaju *Brachypodium*, wykorzystującą zarówno metody bioinformatyczne, jak i cytogenetyczne. Dane uzyskane za pomocą sekwencjonowania nowej generacji (Illumina) zostały przeanalizowane z wykorzystaniem narzędzi RepeatExplorer2 i TAREAN, służących do identyfikacji i ilościowej analizy sekwencji powtarzalnych. Przy pomocy fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH) oraz hybrydyzacji metodą Southern badano organizację chromosomową i genomową wybranych sekwencji powtarzalnych.

Przeprowadzono charakterystykę struktury, zróżnicowania oraz dynamiki ewolucyjnej różnych typów sekwencji powtarzalnych, w tym transpozonów i powtórzeń tandemowych. Wykonano porównawczą analizę sekwencji powtarzalnych dla dwóch genotypów naturalnego allotetraploida *B. hybridum*, różniących się czasem powstania (0,14 oraz 1,4 mln lat temu) oraz jego hipotetycznych diploidalnych gatunków ancestralnych (*B. distachyon* i *B. stacei*). Amplifikacja rozproszonych sekwencji powtarzalnych w genomach badanych genotypów *B. hybridum* najczęściej wykazywała addytywny charakter względem liczby kopii tych sekwencji w genomach diploidalnych przodków. Z kolei sekwencje tandemowo powtarzalne charakteryzowały się większą dynamiką zmian, wykazując - w zależności od rodziny sekwencji - zarówno amplifikację, jak i redukcję liczby powtórzeń w porównaniu do hipotetycznych gatunków ancestralnych. Każdy z analizowanych genotypów *B. hybridum* charakteryzował się specyficznym wzorem amplifikacji i/lub organizacji sekwencji powtarzalnych, wskazujące na to, że genomy *B. hybridum* kształtowane są przez stopniowe zmiany ewolucyjne.

Analizy porównawcze sekwencji powtarzalnych w jednorocznych i wieloletnich gatunkach rodzaju *Brachypodium*, ujawniły obecność zarówno elementów specyficznych dla poszczególnych linii ewolucyjnych, jak i rodzin sekwencji powtarzalnych wspólnych dla większości analizowanych gatunków. Zaobserwowano zróżnicowaną dynamikę zmian ewolucyjnych w zależności od typu powtórzenia. Rodziny sekwencji satelitarnych

wykazywały różny poziom amplifikacji, nawet wśród blisko spokrewnionych gatunków. Również profile amplifikacji retrotranspozonów znacząco różniły się pomiędzy taksonami, wskazując na liniowo-specyficzne wzorce proliferacji i akumulacji. Uzyskane wyniki potwierdzają, że *Brachypodium* stanowi cenny system modelowy do badań nad ewolucją sekwencji powtarzalnych oraz ich rolą w różnicowaniu się genomów i ewolucji poliploidów.