

## Streszczenie w języku polskim

### **Analiza porównawcza dzikich taksonów z rodzaju *Daucus* L. na podstawie danych cytogenetycznych oraz wybranych cech morfologicznych i anatomicznych**

Aby sprostać wzrastającemu zapotrzebowaniu na żywność oraz zapewnić bezpieczeństwo żywnościowe dla stale rosnącej populacji ludności, hodowcy wymagają dostępu do nowych zasobów genetycznych, które mogłyby być wykorzystane w programach hodowlanych w celu poszerzenia zmienności genetycznej roślin uprawnych. W tym kontekście dzikie gatunki rodzaju *Daucus* L. mogłyby odegrać ważną rolę w procesie doskonalenia współczesnego rolnictwa, stanowiąc potencjalne źródło genów istotnych z punktu widzenia hodowli roślin.

Rodzaj *Daucus* stanowi doskonały model do badań porównawczych. Obejmuje marchew uprawną (*D. carota* subsp. *sativus* Hoffm.) – podgatunek o zsekwencjonowanym genomie – oraz około 40 dzikich gatunków, które różnią się pod względem genetycznym i morfologicznym. Jednakże powiązania taksonomiczne i filogenetyczne w obrębie tego rodzaju nie zostały jeszcze w całości wyjaśnione, a ponadto dane cytogenetyczne i morfologiczne dla jego przedstawicieli są wciąż niepełne.

W ramach prezentowanej rozprawy doktorskiej przeprowadzono szereg badań ukierunkowanych na bliższe poznanie rodzaju *Daucus*. Ich celem było: (1) porównawcze mapowanie cytogenetyczne sekwencji powtarzalnej CentDc (zidentyfikowanej w genomie marchwi uprawnej) u wybranych taksonów rodzaju *Daucus* i gatunków spokrewnionych za pomocą fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH), (2) określenie zawartości jądrowego DNA w ich genomach, a także (3) porównanie morfologii ich pyłku oraz morfologii i anatomii ich owoców.

Porównawcza analiza FISH wykazała obecność powtórzeń CentDc w genomach 26 obiektów (reprezentujących 15 taksonów) rodzaju *Daucus* i jednego gatunku spokrewnionego. W przypadku 20 obiektów *Daucus* (11 taksonów) sonda CentDc hybrydyzowała do obszarów centromerowych wszystkich chromosomów tych obiektów. Pozostałe FISH-pozytywne gatunki wykazywały wzór hybrydyzacyjny zróżnicowany pod względem liczby par chromosomów zawierających powtórzenia CentDc. Obecność tych powtórzeń w genomach dzikich krewniaków marchwi sugeruje, że sekwencja ta występowała w genomie ich wspólnego przodka.

Analiza cytometryczna wykazała 3,2-krotne zróżnicowanie zawartości jądrowego DNA wśród taksonów rodzaju *Daucus*, która mieściła się w zakresie od 0,999 do 3,228 pg. Znaczne różnice w wielkości genomu zaobserwowane u dzikich gatunków rodzaju *Daucus* sugerują, że

w trakcie specjacji w ich genomach wystąpiły duże rearanżacje chromosomalne i/lub nagromadzenie powtarzalnych sekwencji DNA.

Analiza palinologiczna wykazała, że pyłek badanych taksonów różni się pod względem wielkości i kształtu. W przypadku *Daucus* średnia długość osi biegunowej ziaren pyłku mieściła się w zakresie od 21,19 do 40,38  $\mu\text{m}$ . Wszystkie ziarna pyłku cechowała obecność trzech porusów, natomiast pod względem urzeźbienia egzyny wyróżniono kilka typów morfologicznych: prążkowany, pomarszczony, perforowany oraz typy mieszane.

W przypadku owoców badanych taksonów zaobserwowano szeroki zakres różnic dotyczących ich cech morfo-anatomicznych. W rodzaju *Daucus* obserwowane różnice dotyczyły wielkości owoców (2,1–8,4 mm) i ich kształtu (od jajowatego do podłużnego), a także urzeźbienia powierzchni owoców oraz ich niektórych cech anatomicznych.

Uzyskane wyniki mogą pomóc w wyjaśnianiu powiązań taksonomicznych między gatunkami rodzaju *Daucus* oraz w prawidłowej identyfikacji zasobów genowych zgromadzonych w bankach genów, a w szerszej perspektywie – mogą przyczynić się do rozwoju przyszłych programów hodowlanych marchwi uprawnej.