

STRESZCZENIE

CYTOGENETYKA WYBRANYCH POLIPLOIDALNYCH TAKSONÓW RYB KARPIOKSZTAŁTNYCH
CYPRINIFORMES

Aneta Spóz

Rozprawa doktorska wykonana pod kierunkiem promotora *prof. dr hab.* Alicji Boroń i promotora pomocniczego *dr* Doroty Juchno.

Katedra Zoologii, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Warmińsko – Mazurski w Olsztynie.

Największą różnorodnością poliploidów wśród kręgowców charakteryzują się ryby karpiokształtne. Większość z ponad 250 poliploidalnych gatunków ma od 100 do 150 chromosomów w komórkach ciała, podczas gdy diploidalne gatunki mają najczęściej 50 chromosomów. Poliploidia wywołuje zróżnicowanie genomu, które może zainicjować proces specjacji. Pojawienie się stabilnych poliploidów wymaga reorganizacji genomu, którą w części wywołuje proces diploidyacji. Stopniowe przekształcanie poliploidii w diploidię, odbywa się poprzez genetyczne zmiany różnicujące zduplikowane geny i chromosomy. Ta genomowa reorganizacja może wpływać m.in. na aktywność i rozmieszczenie genów rybosomowych oraz sekwencji telomerowych DNA, powszechnie analizowanych i wykorzystywanych w cytogenetyce.

Celem pracy była charakterystyka cytogenetyczna rodzimych, poliploidalnych gatunków, karasia pospolitego *Carassius carassius* (karpowate Cyprinidae) i piskorza *Misgurnus fossilis* ($2n=100$) (kozowate Cobitidae) ukierunkowana na określenie gatunkowo specyficznych markerów i próba wskazania cytogenetycznych cech genomów tych gatunków, które mogłyby odzwierciedlać procesy związane z ich pochodzeniem. W pracy po raz pierwszy wykorzystano bardzo informatywną cechę jaką jest dystrybucja w chromosomach genów rybosomowych 18S, 5,8S i 28S rRNA oraz 5S rRNA, którą uzyskano przy zastosowaniu techniki fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH) z sondami 28S rDNA i 5S rDNA. Ponadto, w chromosomach piskorza zlokalizowano sekwencje telomerowego DNA stosując technikę FISH. W celu identyfikację aktywnych regionów organizatora jąderka AgNOR-ów i miejsc DNA bogatych w pary GC wykonano sekwencyjne barwienie chromosomów, odpowiednio azotanem srebra i chromomycyną A_3 (CMA₃). Z kolei barwienie chromosomów fluorochromem DAPI umożliwiło obserwację miejsc DNA bogatych w pary AT.

Wybrane metody umożliwiły wskazanie gatunkowo specyficznych cytogenetycznych cech karasia pospolitego i piskorza. Kariotyp karasia pospolitego ($2N=100$; $20m + 36SM + 44STA$, $NF=156$) charakteryzował się obecnością czterech miejsc 28S rDNA, położonych terminalnie na krótkich ramionach dwóch SM i dwóch STA chromosomów. Miejsca chromosomów zawierające 28S rDNA korespondowały z występowaniem AgNOR-ów i DNA bogatym w pary GC, natomiast ubogim w pary AT. Loci 5S rDNA występowały w regionie okołowcentromerowym innych 10 lub 12 STA chromosomów.

Kariotyp piskorza ($2n=100$; $16M + 20SM + 64STA$, $NF=136$) charakteryzował się najczęściej obecnością czterech miejsc 28S rDNA, położonych terminalnie na krótkich ramionach dwóch SM i dwóch STA chromosomów. Wyjątkiem była samica, w kariotypie której były tylko dwa miejsca hybrydyzacji sondy 28S rDNA. Miejsca chromosomów zawierające 28S rDNA korespondowały z występowaniem AgNOR-ów i DNA bogatym w pary GC. U wszystkich osobników obserwowano polimorfizm wielkości AgNOR-ów i klastrów rDNA. Loci 5S rDNA występowały w regionie okołowcentromerowym innych ośmiu lub sześciu STA chromosomów.

Chromosomowa dystrybucja genu 28S RNA, a nie 5S RNA okazała się bardziej stabilną cechą genomów obu badanych gatunków. Zmienność wewnątrzgatunkowa liczby i wielkości regionów 5S rDNA potwierdziła dynamiczny charakter regionów składających się z tych powtórzeń w kariotypach obu badanych gatunkach.

Kariotypy poliploidalnych gatunków, takich jak karaś pospolity ($2N=100$) i piskorz ($2N=100$) charakteryzują się wielokrotnymi miejscami występowania sekwencji 28S rDNA (w dwóch parach chromosomów) i sekwencji 5S rDNA (odpowiednio w pięciu lub czterech parach chromosomów), co może odzwierciedlać ich poliploidalne pochodzenie. Redukcja miejsc NOR obserwowana w kariotypie samicy piskorza może być rozpatrywana jako odzwierciedlenie toczącego się procesu re-diploidyzacji genomu tego gatunku.

Uzyskane wyniki dostarczyły nowych informacji z zakresu cytotaksonomii i funkcjonalnych cech struktury chromosomów karasia pospolitego *C. carassius* i piskorza *M. fossilis* w kontekście procesów tetraploidyzacji i re-diploidyzacji w genomach tych poliploidalnych gatunków.

Olsztyn, 10 czerwca 2017