

STRESZCZENIE

Geny *Receptor-Like Protein (RLP)* to rodzina genów kodujących białka, które biorą udział w rozwoju roślin oraz odpowiedzi na czynniki abiotyczne i biotyczne. Jednak spośród 57 genów RLP znalezionych w genomie rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana* (*Arabidopsis*), tylko w przypadku niektórych dokładnie poznano funkcje biologiczne. Scharakteryzowanie naturalnej zmienności regionów genomu obejmujących geny *RLP* mogłoby przyczynić się do poznania potencjalnych funkcji białek RLP oraz opisanie ich nowych alleli.

Pojawienie się technik sekwencjonowania długich odczytów znacząco zwiększyło możliwości identyfikacji złożonych rearanżacji genomowych oraz składania kompletnych chromosomów i genomów. Postawiłam hipotezę, że poprzez zsekwencjonowanie i złożenie de novo genomów ośmiu ekotypów *Arabidopsis* oraz szczegółowym analizom porównawczym, będę mogła poznać wszystkie typy wariantów strukturalnych obejmujących geny *RLP*. W tym celu opracowałam protokół ekstrakcji genomowego DNA o wysokiej masie cząsteczkowej z liści, zsekwencjonowałam DNA genomowe wybranych roślin w technologii nanopore, i złożyłam de novo sekwencje genomów. Przeprowadziłam również dokładną ocenę jakości złożonych genomów pod względem ciągłości, kompletności oraz poprawności sekwencji. Wyniki analiz wykazały, że miały one wysoką jakość w obrębie ramion chromosomów, jednak charakteryzowały się podwyższonym poziomem fragmentacji w regionach powtórzonych, takich jak centromery i telomery. Wykonałam annotację genów i transpozonów oraz przeanalizowałam zakres zmienności loci RLP, gdzie znalazłam liczne polimorfizmy o różnej skali długości, takie jak delecje, insercje, czy rearanżacje genomowe powiązane z działalnością transpozonów. Przykładowo, w klastrze genów *RLP47-RLP50* w jednym ekotypie powstała duplikacja genu *RLP47*, a w innym ekotypie znalazłam insercje transpozonów.

Chociaż rodzina *RLP* nie jest typowo uznawana za główne źródło zróżnicowania odporności roślin na stres, wyniki tej pracy wskazują na istotną zmienność wewnątrzgatunkową wielu tych genów. Rozszerzenie charakterystyki tej zmienności na światową populację *Arabidopsis* może stworzyć podstawy badań funkcjonalnych, co w przyszłości zaowocuje lepszym zrozumieniem mechanizmów odporności roślin na stres.