

Streszczenie

Ze względu na swą niezwykłą morfologię i interakcję z żywicielem, holopasożyty zaliczane do *Orobanchaceae* sensu lato reprezentują jeden z najbardziej fascynujących w świecie roślin przykładów ewolucji w kierunku pasożytniczego trybu życia. Mechanizmy, jakimi rządzi się proces horyzontalnego transferu genów (ang. HGT) u roślin, wciąż pozostają nie do końca poznane, jednak bliski kontakt tkanek pasożytów oraz ich żywicieli uważany jest za czynnik ułatwiający przenoszenie się materiału genetycznego pomiędzy różnymi gatunkami roślin. Analizom poddano mitochondrialne geny *atp1*, *atp4*, *atp8* i *atp9* u 25 gatunków należących do ośmiu rodzajów *Orobanchaceae*. Nie zaobserwowano utraty tych genów ani dowodów na ich pseudogenizację, z wyjątkiem genu *atp1* u *E. mexicana*. W wyniku przeprowadzonych analiz zaobserwowano 11 różnych przykładów HGT u jedenastu różnych gatunków *Orobanchaceae* należących do pięciu rodzajów. Najwięcej transferów zaobserwowano analizując geny *atp6* i *atp8*, nie stwierdzono natomiast żadnego przypadku horyzontalnego transferu genu *atp9*. Obserwowane były zarówno przypadki utrwalenia się nabytej horyzontalnie kopii w genomie i jej współwystępowanie z kopią natywną (transfer duplikatywny), jak i powstanie genów chimerycznych posiadających segmenty pochodzące od kopii nabytych horyzontalnie i natywnych, a także zastąpienie natywnej kopii genu poprzez kopię przeniesioną od innego gatunku. W niemal połowie obserwowanych przypadków nabyty horyzontalnie gen nie pochodził od aktualnego żywiciela badanych pasożytów. Wyniki te pokazują, jak złożony charakter mają mechanizmy HGT u badanych roślin i wskazują na wyraźny wpływ tych procesów na genom mitochondrialny roślin holopasożytniczych. Dalsze badania nad horyzontalnym transferem genów pozwolą lepiej zrozumieć znaczenie tego procesu dla ewolucji tych roślin oraz ich adaptacji do pasożytnictwa.

W drugiej części zaprezentowanych w niniejszej pracy badań przeprowadzono analizę wybranej sekwencji plastydowej - niekodującego regionu *trnL-trnF* u 65 gatunków z rodzaju *Orobanchaceae*, *Phelipanche* i *Phelypaea*. Przeprowadzone analizy koncentrowały się na gatunkach, które wcześniej nie były badane metodami molekularnymi, oraz na problematycznych taksonach, które ze względu na trudności z ich identyfikacją i niejasną pozycję taksonomiczną często łączone są w agregaty. Badania te wykazały, że region *trnL-trnF* może być użyteczny do analiz filogenetycznych *Orobanchaceae* s.l., pozwalając na lepsze zrozumienie relacji filogenetycznych i taksonomii tej grupy roślin, pomimo że w niektórych przypadkach jego zmienność okazała się niewystarczająca. U *O. rigens* wykryto dodatkową kopię plastydowego regionu *trnL-trnF*, która została nabyta horyzontalnie od reprezentującego odmienną linię ewolucyjną pasożyta z rodzaju *Cuscuta* (*Convolvulaceae*). Opisany horyzontalny transfer regionu *trnL-trnF* do *O. rigens* wydaje się szczególnie interesujący, ponieważ najprawdopodobniej miał charakter dwuetapowy i zaszedł za pośrednictwem *Genista salzmannii*, wspólnego żywiciela obu gatunków.

o.k.ceptajis, Lucinda