

Rodzaj *Crepis s.l.* (Asteraceae) obejmuje około 200 gatunków roślin, które znacznie różnią się wielkością genomu oraz podstawową liczbą chromosomów ($x = 3, 4, 5, 6$ i 11). Chromosomy *Crepis* są stosunkowo duże i zróżnicowane morfologicznie w obrębie jednego kariotypu. Cechy te sprawiają, że *Crepis* stanowi dobry model do badań nad ewolucją chromosomów. Rodzaj *Crepis* posłużył jako obiekt badań, których efektem było zaprezentowanie pierwszej kompleksowej interpretacji ewolucji kariotypu roślinnego. Badania te, prowadzone w latach 30. i 40. XX w., zasugerowały, że siłą napędową ewolucji kariotypu tego rodzaju są rearanżacje chromosomowe. Prace te były często cytowane i uważane za modelowe w badaniach nad ewolucją kariotypu roślin okrytonasiennych, jednakże najnowsze analizy filogenetyki molekularnej podważyły postawione dawniej hipotezy. Współczesne metody cytogenetyczne wraz z molekularnymi analizami filogenetycznymi znacznie ułatwiają zrozumienie trendów w ewolucji kariotypu. Celem projektu doktorskiego były analizy porównawcze kariotypów w tle zależności filogenetycznych, które umożliwiły lepsze zrozumienie trendów w ewolucji chromosomów rodzaju *Crepis*.

Analizy filogenetyczne prowadzono w oparciu o trzy zestawy danych: markery jądrowe nrITS i 5S rDNA NTS oraz cztery markery plastydowe. Analizy oparte o marker nrITS i markery chloroplastowe umożliwiły wyróżnienie dwóch linii ewolucyjnych: *Lagoseris* i *Crepis sensu stricto*. W linii ewolucyjnej *Crepis s.s.* wyróżniono cztery klady blisko spokrewnionych gatunków. Analiza filogenetyczna markera 5S rDNA NTS nie pozwoliła na wyciągnięcie jednoznacznych wniosków, ze względu na duży międzygatunkowy polimorfizm sekwencji nukleotydów. Analizy struktury kariotypu obejmowały: podstawową liczbę chromosomów, morfologię chromosomów oraz indeks asymetrii. Przeprowadzone badania wykazały duże zróżnicowanie podstawowej liczby chromosomów oraz formuł kariotypów w tym rodzaju. Badania ewolucji podstawowej liczby chromosomów wykazały, że w rodzaju *Crepis* dominującym trendem była dysploidalność zstępująca. Przeprowadzono również analizę ewolucji wielkości genomu, która wykazała, że ewolucji rodzaju *Crepis* towarzyszyły zarówno wzrosty, jak i redukcje wielkości genomu. Przeprowadzone analizy wykazały, że zmiany w strukturze kariotypów oraz wielkości genomu towarzyszyły głównie specjacji, rzadko ewolucyjnych grup blisko spokrewnionych gatunków.

Chromosomową organizację loci rDNA w genomach *Crepis* analizowano z wykorzystaniem fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* z zastosowaniem sond 25S i 5S rDNA. Zaobserwowano duży międzygatunkowy polimorfizm wzorów organizacji loci rDNA u *Crepis*,

jednak cechą charakterystyczną większości gatunków była obecność chromosomu z obydwoma loci rDNA (5S rDNA i 35S rDNA) zlokalizowanymi w tym samym ramieniu chromosomu. Analizy ewolucji chromosomowej organizacji loci rDNA przeprowadzone w tle filogenetycznym wykazały, że zmiany w liczbie oraz lokalizacji loci rDNA towarzyszyły głównie specjacji, a nie ewolucji całych kładów. Przeprowadzone analizy zasugerowały, że specjacji w rodzaju *Crepis* mogły towarzyszyć rearanżacje chromosomowe, takie jak translokacje lub inwersje.