

Návrh témy doktorandského štúdia v odbore Biológia so začiatkom štúdia v školskom roku 2024/2025

Meno školiteľa: Mgr. Judita Zozomová, PhD.

Meno konzultanta: Mgr. Marek Šlenker, PhD.

Pracovisko: Centrum biológie rastlín a biodiverzity SAV, v.v.i., organizačná zložka Botanický ústav

Študijný program: botanika

Téma neprístupná pre externé štúdium (len interné štúdium)

Téma pre: PriF UK

Téma dizertačnej práce (slovensky/anglicky):

Názov: Taxonómia, procesy speciácie a evolúcia polyploidov v rode *Erysimum* (Brassicaceae)

Anglický názov: Taxonomy, speciation processes and polyploid evolution in *Erysimum* (Brassicaceae)

Anotácia (vrátane cieľa)

Fylogeneticky mladé a druhovo bohaté rody cievnatých rastlín sú zaujímavé z hľadiska poznávania ich evolúcie a riešenia taxonómie. Ich charakteristickými črtami sú veľká diverzita ale zároveň málo výrazná štruktúra a nedostatočné fylogenetické rozlíšenie, čo je v mnohých prípadoch dôsledok rýchlej radiácie. Retikulácia (introgresia, hybridizácia, polyploidizácia) zohráva v evolúcii takýchto skupín tiež významnú, často až dominantnú rolu. Fylogenomické analýzy divorastúcich polyploidných a hybridných organizmov boli doposiaľ v úzadí, najmä kvôli zložitosti retikulátnych evolučných procesov, ako aj kvôli metodickým a výpočtovým obmedzeniam. Rozvoj NGS techník, analytických metód a bioinformatických nástrojov na detekciu hybridizácie a polyploidizačných udalostí otvára v súčasnosti nové možnosti a perspektívy. Téma dizertačnej práce má nasledovať tento súčasný pokrok, čo sa bude odrážať na jej zameraní a metodickom prístupe. Práca bude venovaná dvom príbuzným komplexom druhov v rode *Erysimum* (*E. odoratum* a *E. virgatum* skupiny), ktoré predstavujú veľmi dobré objekty na štúdium procesov nedávnej divergencie ako aj retikulátnej evolúcie. *Erysimum* je taxonomicky a evolučne zložitý rod, čo spôsobili viaceré faktory, najmä jeho nedávna a rýchla radiácia, veľká karyologická variabilita, početné zastúpenie polyploidov, existencia kryptických druhov, ako aj medzidruhovú hybridizáciu. Cieľom práce bude objasniť fylogenetické vzťahy v študovaných komplexoch, ohraničiť jednotlivé druhy, rekonštruovať vzťahy a pôvod rôznych cytotypov a polyploidov, zistiť mieru odlišnosti polyploidných genómov a sledovať ich evolúciu. Bude sa skúmať ktoré špeciálne mechanizmy sa podieľali na evolúcii študovaných druhových komplexov, s dôrazom na vplyv ekologickej diverzifikácie, obmedzeného génového toku v dôsledku geografickej izolácie, chromozómových prestavieb, polyploidizačných a hybridizačných udalostí. Na toto štúdium sa využije integratívny metodický prístup, ktorý kombinuje viaceré metódy, najmä fylogenomické a cytogenomické metódy, cytometrické, morfometrické a ekologické analýzy.

Annotation (including the aim of thesis)

Recently diverged and species-rich vascular plant genera are interesting objects of study with regard to their evolution and taxonomy. High diversity together with shallow structure, low resolution and phylogenetic incongruence have been characteristic for such lineages, in many cases attributable to rapid radiations. Reticulation events (introgression, hybridization, polyploidization), however, have also played a significant, perhaps even predominant role in their evolution. Phylogenomic analyses of wild (non-model) polyploid and hybridogenous lineages have lagged behind until recently, mainly caused by their evolutionary complexity, methodological and computational difficulties. However, recent advances in high-throughput DNA sequencing and in analytical methods to detect hybridization and resolve polyploidization events, offer new possibilities and perspectives in such studies. The PhD thesis should follow these recent advances, which will be reflected both in the research focus and the proposed methodology. It will address two related species complexes of the genus *Erysimum* (*E. odoratum* and *E. virgatum* groups), which provide excellent resources for studying both recent divergence and reticulate evolution. The genus is taxonomically and evolutionarily complex, which stems from multiple factors, such as recent and rapid radiation, high chromosome number diversity, abundance of polyploids, presence of cryptic species, as well as interspecific hybridization. The aims of the thesis will be to resolve phylogenetic relationships in the studied species groups, revise species circumscriptions, reconstruct relationships and origin of multiple cytotypes and polyploids, and examine genome divergence and evolution in polyploid lineages. Speciation

mechanisms that have triggered their diversification will be explored, focusing on the role of ecological divergence, gene flow barriers due to geographic isolation, chromosomal rearrangements, polyploidization and hybridization events. An integrative methodological approach will be taken, which will combine phylogenomic methods, cytogenomic, cytometric, morphometric and ecological niche analyses.

Navrhované metodické postupy (slovensky/anglicky):

- zber populačných vzoriek v Európe, najmä v strednej Európe (Karpaty, Alpy) a na Balkánskom polostrove
 - prietoková cytometria (stanovenie ploidie a relatívnej veľkosti jadrového genómu)
 - cytogenomické analýzy (GISH, 'comparative chromosome painting'), v spolupráci s CEITEC pracoviskom v Brne
 - metódy sekvenovania novej generácie (na Illumina platforme) - Hyb-Seq: metóda kombinujúca ciele obohatenie nízkokópiových génov a sekvenovanie celého genómu s nízkym pokrytím, čím sa získajú sekvencie zo stoviek nízkokópiových génov a časť genómu prítomná v mnohých kópiách (cpDNA, rDNA); RADseq: sekvenovanie DNA v oblasti reštrikčných miest. Obe metódy sú na pracovisku úspešne využívané.
 - analýza a modelovanie ekologických ník
 - multivariačné morfometrické metódy
-
- population sampling in Europe, mainly Central Europe (Carpathians, Alps) and Balkan Peninsula
 - flow cytometric screening of ploidy levels and relative genome size variation
 - cytogenomic analyses (GISH, comparative chromosome painting), in cooperation with CEITEC in Brno
 - high-throughput sequencing with Illumina – Hyb-Seq: Hybrid enrichment (sequence capture) combined with genome skimming, capturing hundreds of low-copy nuclear genes and high-copy genomic fractions (cpDNA, rDNA); RADseq: restriction site-associated DNA sequencing. Both methods are successfully applied at the Institute.
 - ecological niche analyses and modelling
 - multivariate morphometric analyses

Dostupné alebo plánované zdroje financovania:

APVV-21-0044

Retikulátna alebo divergentná evolúcia? Objasnenie procesov, ktoré stoja za veľkou druhovou bohatosťou a endemizmom v rodoch čeľade Brassicaceae.

Reticulate or divergent evolution? Resolving processes behind the high species richness and endemism in Brassicaceae genera)

Predpokladané publikačné výstupy v časopisoch WOS (približný okruh časopisov):

Časopisy s min. IF 2-5, Q1 v kategórii Plant Science podľa Scimago Journal Rank

napr. Molecular Phylogenetics and Evolution, Annals of Botany, American Journal of Botany, Taxon, Botanical Journal of the Linnean Society, Biodiversity and Conservation

Kľúčové slová (3-5): *Erysimum*, fylogenomika, polyploidia, retikulátna evolúcia

Keywords (3-5): *Erysimum*, phylogenomics, polyploidy, reticulate evolution