

Popularnonaukowy opis badań prowadzonych w ramach rozprawy doktorskiej

Ruchome elementy genetyczne (*Transposable Elements*, TE), historycznie określane “skaczącymi genami” są zróżnicowanej długości sekwencjami DNA zdolnymi do przemieszczania się w obrębie genomu zarówno organizmów prokariotycznych, jak i eukariotycznych. Transpozycja, czyli mechanizm przemieszczania się w obrębie genomu, obok zwiększenia ploidalności, stanowi u roślin okrytonasiennych ważny mechanizm prowadzący do zróżnicowania rozmiaru i budowy genomu, a liczba ruchomych elementów genetycznych przewyższa liczbę genów w większości poznanych dotąd genomów roślinnych. Zależnie od typu transpozycji wyróżnia się dwie klasy elementów: retrotranspozony (klasa I) wykorzystujące mechanizm typu “kopiuj-wklej” oraz transpozony DNA (klasa II) charakteryzujące się transpozycją typu “wytnij-wklej”. W większości genomy roślin okrytonasiennych charakteryzują znacznie większym udziałem TE klasy I. Z reguły udział transpozonów DNA w całkowitej liczbie ruchomych TE jest niewielki – stanowi od zaledwie kilku do kilkunastu procent.

Genom marchwi, spośród zsekwencjonowanych dotychczas genomów roślin dwuliściennych charakteryzuje się wysokim, sięgającym około 30% udziałem transpozonów DNA w całkowitej liczbie zidentyfikowanych TE, stanowiąc potencjalny model badawczy do charakterystyki tej grupy TE. W genomie marchwi zidentyfikowano wszystkie sześć nadrodzin transpozonów DNA występujących w genomach roślinnych. Wśród nich licznie reprezentowane są elementy typu MITE (*Miniature Inverted-repeat Transposable Element*). Wśród nich *Tourist-like Krak* i *Stowaway-like DcSto* są jedynymi dotychczas scharakteryzowanymi u marchwi elementami nieautonomicznymi, czyli nie posiadającymi sekwencji kodującej transpozazę – enzym niezbędny do ich transpozycji. Ze względu na cechy charakterystyczne MITE, tj. dużą liczebność w genomie, częstą obecność w rejonie sekwencji kodujących oraz stosunkowo niedawny charakter insercji mogą one dostarczyć cennych informacji dotyczących mechanizmów stojących za sukcesem ewolucyjnym elementów nieautonomicznych.

Celem prowadzonych badań jest poszerzenie wiedzy na temat dystrybucji i funkcji ruchomych elementów genetycznych typu MITE w genomie roślin dwuliściennych poprzez identyfikację metodami *in silico* insercji elementów *DcSto* w kolekcji ponad 30 genomów marchwi dzikiej i uprawnej o zróżnicowanym pochodzeniu geograficznym. Zidentyfikowane insercje *DcSto* posłużą do opracowania panelu markerów molekularnych wykorzystanych następnie do analizy struktury zmienności genetycznej marchwi dzikiej i uprawnej, ze szczególnym uwzględnieniem odmian marchwi uprawnej reprezentujących zróżnicowany kształt korzenia spichrzowego. Przeprowadzone badania bezpośrednio wzbogacą dotychczasową wiedzę dotyczącą liczby i zmienności nieautonomicznych elementów typu MITE w genomie marchwi. Planowane analizy dystrybucji *DcSto* w obrębie rejonów kodujących genomu dadzą podwaliny pod określenie wpływu insercji na regulację ekspresji genów u marchwi, przyczyniając się do rozwinięcia wiedzy na temat mechanizmów regulacji ekspresji warunkowanych obecnością TE w genomach roślinnych.