

Czy ruchome elementy genetyczne z grupy MITE (Miniature Inverted-repeat Transposable Elements) są zaangażowane w modulowanie ekspresji genów u marchwi?

Ruchome elementy genetyczne (ang. *transposable elements*, TE) to fragmenty DNA zdolne do zmiany swojej lokalizacji w genomie w wyniku procesu nazywanego transpozycją. TE są obecne we wszystkich żywych organizmach, a zdolność do przemieszczania się i zwiększania liczby kopii sprawia, że mogą stanowić dużą część genomu. TE często są nazywane "skaczącymi genami" lub "samolubnym DNA". MITE są grupą krótkich (>600 pz) transpozonów DNA, które nie posiadają zdolności kodowania białek umożliwiających ich samodzielne przemieszczanie się w genomie, ale mogą być mobilizowane za pośrednictwem enzymów dostarczonych przez pokrewne, autonomiczne transpozony. Ponadto są one często obecne w rejonach genomu, które są bogate w geny.

W przypadku marchwi, frakcja genomu przypisana do TE to około 45% całego genomu. Elementy MITE występują licznie w genomie marchwi, o czym świadczy obecność ponad 400 różnych rodzin elementów MITE, grupujących od kilku do nawet kilku tysięcy kopii. Miejsca insercji elementów należących do 14 rodzin MITE u marchwi okazały się być polimorficzne i zlokalizowane w rejonach bogatych w geny. Wskazuje to na ich możliwe zaangażowanie w regulację ekspresji genów.

Obecnie wiadomo, że TE, szczególnie retrotranspozony i elementy MITE, odgrywają rolę w modyfikowaniu ekspresji genów, wpływając zarówno na poziom transkrypcji, jak i ich stabilność, długość czy lokalizację komórkową. Jest to możliwe dzięki dostarczaniu przez TE sekwencji regulatorowych, takich jak miejsca wiązania czynników transkrypcyjnych (TFBS), czyli sekwencji, do których mogą się wiązać białka odpowiadające za podwyższenie lub obniżenie ekspresji genów. Równie istotne jest powstawanie krótkiego RNA pochodzącego od elementów MITE, a odpowiadającego za niediedziczne zmiany metylacji cytozyny, które przekładają się na wyciszenie genów. Potranskrypcyjne modyfikacje ekspresji genów są zazwyczaj związane z obecnością w sekwencji elementów MITE tak zwanych alternatywnych miejsc poliadenylacji (APA). Skrócenie lub wydłużenie rejonu 3'UTR (nietranskrybowanego rejonu 3') transkryptu może skutkować powstaniem niefunkcjonalnego białka, ale również zmienioną stabilnością czy tkankowo-specyficzną lokalizacją transkryptów. Co ważne, opisane mechanizmy często są aktywowane i/lub modyfikowane w komórce w odpowiedzi na warunki stresowe, w których znajduje się roślina. W związku z tym uważa się, że organizmy mogły zaadoptować mechanizmy regulacji ekspresji genów związane z transpozonomi do zwiększenia plastyczności genomu i elastyczności transkryptomu, co może mieć znaczenie dla adaptacji do nowych warunków środowiska. Mimo pewnych przesłanek o istotnej roli MITE w regulacji ekspresji genów, dane literaturowe na ten temat są zazwyczaj fragmentaryczne, dotyczą kilku genów i pochodzą głównie z roślin modelowych, np. rzodkiewnika (*Arabidopsis thaliana*).

Uważamy, że MITE biorą udział w modulowaniu ekspresji genów, w okolicy których się znajdują, poprzez dostarczanie sekwencji TFBS, sekwencji APA, oraz krótkiego RNA które prowadzi do zmian metylacji DNA. Proponowane badania mają na celu wyjaśnienie funkcjonalnej zależności pomiędzy elementami MITE a genami oraz całym genomem, które będzie możliwe dzięki rozwojowi metod bioinformatycznych i dostępności wysokowydajnego sekwencjonowania DNA, umożliwiających analizę transkryptomów, sRNA oraz metylomów pochodzących z siewek marchwi, poddanych stresowi wysokiej i niskiej temperatury oraz stresowi osmotycznemu, wynikającemu z podwyższonego stężenia soli w podłożu.