

Referat wygłoszony w dniu 29 stycznia 2024 r. na posiedzeniu Komisji Nauk
Biologicznych Oddziału PAN w Krakowie

Prof. dr hab. inż. Dariusz Grzebelus
Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie
Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa
Katedra Biologii Roślin i Biotechnologii
Al. 29 Listopada 54, 31-425 Kraków
e-mail: d.grzebelus@urk.edu.pl
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6999-913X>

„Mali pomocnicy” – znaczenie ruchomych elementów genetycznych dla udomowienia i doskonalenia odmian roślin uprawnych

Ruchome elementy genetyczne (ang. transposable elements; TE) są wszechobecnymi składnikami genomów roślin. Większość insercji TE jest neutralna lub szkodliwa dla gospodarza, jednak w literaturze przedstawiono przykłady insercji TE korzystnych, zwłaszcza tych powodujących zmiany w poziomach ekspresji sąsiednich genów, aż po zdarzenia domestykacji molekularnej, niezbędne do rozwoju nowych cech o fundamentalnym znaczeniu ewolucyjnym. Odnotowano kilka możliwych skutków aktywności TE dla funkcjonowania genów, w tym: (1) wyłączenie genów wynikające z insercji w ich obrębie, (2) zmiany poziomu ekspresji genów wynikające z insercji w regionach regulacyjnych, (3) epigenetyczne wyciszenie genów rozprzestrzeniające się z pobliskich wyciszonych kopii TE, (4) powstawanie alternatywnych wariantów splicingu, (5) rearanżacje chromosomów wynikające bezpośrednio z mobilizacji TE lub rekombinacji między dwiema podobnymi kopiami, (6) tasowanie egzonów lub genów, (7) redystrybucja miejsc wiązania czynników transkrypcyjnych i przebudowa sieci regulatorowych, (8) molekularna domestykacja TE przez gospodarza. Prawdopodobnie istnieją

inne skutki działania TE, które nie zostały jeszcze wystarczająco udokumentowane, np. zmiany w organizacji trójwymiarowej struktury chromatyny, w których mogą brać udział odwrócone powtórzenia pochodzące z TE lub ich znaczenie dla procesu rekombinacji mejotycznej.

TE zajmują niemal połowę genomu marchwi. Najpowszechniej występują w nim kopie retrotranspozonów LTR; nadrodziny copia i gypsy zajmują łącznie ponad 30% genomu. Po raz pierwszy zidentyfikowaliśmy aktywne retrotranspozony copia z grupy DcAle, które ulegały mobilizacji w kulturach kalusa marchwi. Transpozony DNA są mniej liczne, ale częściej są one zlokalizowane w sąsiedztwie genów. Insercje TE wpływają na fenotyp marchwi, w tym np. na zdolność do akumulacji karotenoidów i antocyjanów w korzeniach spichrzowych. Globalna analiza miniaturowych ruchomych elementów genetycznych (ang. miniature inverted-repeat transposable elements; MITE) wskazała, że są one wzbogacone w okolicach genów kodujących czynniki transkrypcyjne. Wykazaliśmy również, że pewne rodziny MITE obecne w genomie marchwi mogą uczestniczyć w redystrybucji miejsc wiązania czynników transkrypcyjnych, modyfikując ścieżki regulatorowe.