

**ALICJA MACKO-PODGÓRNI**  
**KATARZYNA STELMACH**  
**KORNELIA KWOLEK**  
**DARIUSZ GRZEBELUS**

Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii  
Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie  
Al. 29-Listopada 54, 31-425 Kraków  
e-mail: a.macko@ogr.ur.krakow.pl.

## Polimorfizm insercji elementów MITE jako narzędzie dla hodowli \*

Postęp w rozwoju technologii sekwencjonowania NGS umożliwia globalną identyfikację polimorfizmów SNP oraz wariantów strukturalnych, wykorzystywanych do charakterystyki materiałów hodowlanych i asocjacji polimorfizmów z cechami użytkowymi. Insercje ruchomych elementów genetycznych często zlokalizowane są w otoczeniu rejonów kodujących i mogą stanowić źródło zmienności, prowadzące do powstania korzystnych gospodarczo cech. Mimo to, charakterystyka polimorfizmu insercji TE przeprowadzona została dla nielicznych roślin użytkowych.

Globalna analiza wariantów strukturalnych, wynikających z mobilności elementów *DcSto* (*Daucus carota* *Stowaway*-like MITEs), dla 31 resekwencjonowanych genomów marchwi uprawnej oraz dzikiej, umożliwiła zidentyfikowanie 18 812 polimorficznych miejsc insercji. Wśród nich ponad 74% stanowiły insercje w odległości 2 kb od najbliższego genu. Ponad 1000 miejsc insercji zidentyfikowano w rejonach transkrybowanych, szczególnie w rejonie 5'UTR. Stwierdzono również wysoką liczbę insercji w 100-500 nt powyżej 5'UTR, co może wskazywać na zaangażowanie *DcSto* w regulację ekspresji genów. Unikalne miejsca insercji, obecne w jednej z badanych roślin stanowiły 66,2%. Jedynie w przypadku roślin uprawnych, rodzina *DcSto7b* miała największy udział w liczbie unikalnych miejsc insercji, sięgający 67%. Wysoki stopień podobieństwa sekwencji elementów *DcSto7b* oraz obecność w genomie marchwi uprawnej autonomicznego transpozonu *Mariner-Dcmar1*, wskazuje na wybuch aktywności tej rodziny po udomowieniu marchwi i sugeruje, że może ona być nadal aktywna. Dwa genotypy marchwi dzikiej charakteryzowały się znaczącą przewagą unikalnych insercji *DcSto*, należących do siedmiu blisko spokrewnionych rodzin. Fakt, że

\* Badania zostały sfinansowane z dotacji przyznanej przez MNiSW na działalność statutową oraz dotacji celowej na naukę przyznanej przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

obydwa genotypy należały do niezależnych populacji, rosnących w zasolonych glebach na wybrzeżu Francji, może wskazywać na mobilizację tych elementów w odpowiedzi na stres zasolenia.

Analiza zróżnicowania genetycznego z wykorzystaniem polimorfizmu insercji DcSto, odzwierciedlała historię udomowienia marchwi. Ponad 1000 miejsc insercji, zlokalizowanych w intronach, przekształcono w kodominujące markery typu ILP (Intron Length Polymorphism) i wykorzystano do analizy struktury populacji marchwi uprawnej. Wyniki pozwoliły na wyodrębnienie grup odmianowych, charakteryzujących się różnym typem korzenia spichrzowego.