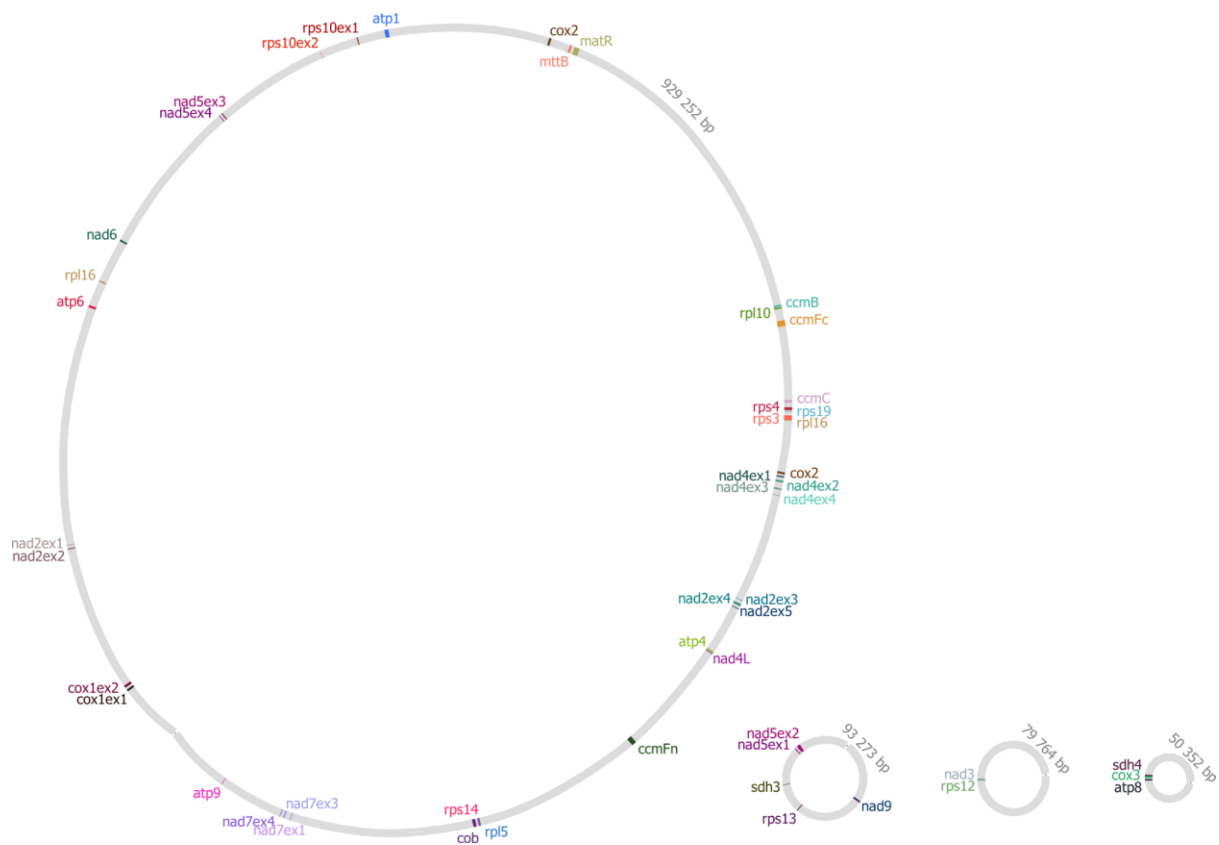


Pasożyty to organizmy, które żyją kosztem innych, nie zabijając, przynajmniej od razu. Choć często kojarzymy je z owadami czy grzybami, to w świecie roślin również istnieje wiele pasożytów. Na przykład rodzina Orobanchaceae obejmuje rośliny pasożytnicze, z których niektóre straciły zdolność do fotosyntezy i są całkowicie zależne od swoich gospodarzy. Pasożyty roślinne mogą wpływać na różne aspekty życia roślin, w tym na ich genomy. Ciekawym zjawiskiem jest horyzontalny transfer genów (HGT), gdzie geny przenoszą się nawet między daleko spokrewnionymi gatunkami bez rozmnażania płciowego. To zjawisko, zachodzące naturalnie od miliardów lat, umożliwiło roślinom lądowym rozwój różnych zdolności, jak np. produkcja ligniny, niezbędnej do osiągania dużych rozmiarów. Badania nad tym zjawiskiem zmieniły nasze rozumienie historii życia, pokazując, że poziomy transfer genów łączy różne linie ewolucyjne niczym pajęcza sieć rozpięta na drzewie życia.

Rośliny pasożytnicze łączą się z roślinami-gospodarzami przez specjalne struktury zwane haustoriami, które przenikają do ich tkanek i pobierają potrzebne substancje, w tym wodę, składniki odżywcze, a nawet cząsteczki genetyczne DNA i RNA. Ciekawostką jest, że te "ukradzione" geny mogą zostać włączone do DNA pasożyta. Co więcej, w niektórych przypadkach, jest odwrotnie - geny pasożyta mogą przejść do genomu żywiciela. Rośliny posiadają trzy oddzielne genomy w różnych częściach komórki: jądrze, chloroplastach i mitochondriach. Wydaje się, że genom mitochondrialny jest szczególnie podatny na przyjmowanie obcych genów.

W naszym projekcie zbadaliśmy gatunek holopasożytniczy *Orobanche coerulescens*, w którym poprzednio znaleźliśmy transfer genu *atp6* do genomu mitochondrialnego. Wykorzystaliśmy dwie nowoczesne technologie sekwencjonowania: Oxford Nanopore, która dostarcza dłuższe fragmenty genomu, oraz Illumina z krótszymi odczytami, ale z niższym udziałem błędów. Te dwa rodzaje odczytów pozwoliły nam na odtworzenie kompletnego genomu mitochondrialnego (ryc. 1). Sprawdziliśmy jakie geny zawiera, czy są one aktywne, oraz czy poza *atp6* są inne przypadki HGT. Do wykrycia aktywnych, przeniesionych genów wykorzystaliśmy technikę RNA-seq. Z jednej strony pozwoliła ona sprawdzić, czy transkrybowane są obce geny uprzednio wykryte w mitochondrialnym DNA, z drugiej, mamy nadzieję, że wykryjemy również sygnały HGT wśród aktywnych genów genomu jądrowego. Nasze dotychczasowe wyniki wskazują, że badana roślina nie wykazuje wyraźnych oznak degradacji genów w genomie mitochondrialnym, znaleźliśmy za to kilka potencjalnych nowych przypadków HGT, które obecnie badamy bardziej szczegółowo. Uzyskane wyniki okazały się bardzo pomocne przy tworzeniu wniosku grantowego, który składamy w ramach konkursu Opus 26.



Ryc. 1. Złożone chromosomy mitochondrialne *O. coerulescens* z zaznaczonym położeniem genów.