

Analiza sekwencji i ekspresji mitochondrialnego DNA u rośliny pasożytniczej *Phelipanche ramosa*, ze szczególnym uwzględnieniem śladów horyzontalnego transferu genów.



Fig.1. *Phelipanche ramosa* - zdjęcie wykonane podczas zbioru materiału w miejscowości Szewce w woj. świętokrzyskim 16.09.2022 r.

Phelipanche ramosa jest rośliną holopasożytniczą, co oznacza, że pobiera zarówno wodę z solami mineralnymi, jak i związki organiczne od innej rośliny (żywiciela), sama tracąc zdolność przeprowadzania fotosyntezy. Ta zależność pokarmowa niesie za sobą nie tylko zmiany morfologiczne i biochemiczne, takie jak brak liści czy chlorofilu. Aktualne badania wskazują, że relacja, w której dochodzi do tak bliskiego kontaktu komórek dwóch różnych gatunków, może ułatwiać przepływ genów między nimi. Horyzontalny transfer genów (HGT) to zjawisko przenoszenia materiału genetycznego, nawet pomiędzy daleko spokrewnionymi gatunkami, bez udziału rozmnażania płciowego. Umożliwia ono przepływ nie tylko fragmentów genomów, ale prawdopodobnie również całych genomów, np. mitochondrialnych, między organizmami należącymi do odległych linii ewolucyjnych. Pozyskiwanie nowych wariantów genów poprzez transfer horyzontalny pozwala gatunkowi biorcy zwiększyć swój potencjał adaptacyjny.

Komórki roślinne zawierają trzy różne organelle z własnymi genomami (jądra, mitochondria, chloroplasty) i w obrębie każdego z nich może dojść do zjawiska HGT. Szczególnie interesującym przedmiotem badań nad tym zjawiskiem wydaje się jednak być genom mitochondrialny, posiadający pewne właściwości ułatwiające włączanie obcego materiału genetycznego. Jak dotąd niewiele jednak wiadomo na temat genomów mitochondrialnych w rodzinie *Orobanchaceae*. Pierwszy przypadek transferu genu mitochondrialnego od żywiciela do pasożyta z tej rodziny został opisany przez członków zespołu naszego laboratorium. Poza HGT, w mitochondrialnych genomach pasożytów mogą występować również inne zmiany dotyczące rozmiaru genomu, zawartości genów oraz ich degeneracji/utraty, a powszechność tych zjawisk również pozostaje niejasna.

Celem przeprowadzonych badań była analiza zmian ewolucyjnych w genomie mitochondrialnym *P. ramosa*. Zasadniczym krokiem było uzyskanie sekwencji DNA pokrywających cały genom mitochondrialny, za pomocą dwóch nowoczesnych technologii sekwencjonowania: Oxford Nanopore, która dostarczyła dłuższe fragmenty genomu, oraz Illumina, z krótszymi odczytami, ale także z niższym wskaźnikiem błędów. Połączenie obydwu wyników przy użyciu oprogramowania bioinformatycznego umożliwiło złożenie genomu mitochondrialnego, sprawdzenie zawartości genów,

wykrycie śladów degradacji niektórych genów oraz wyszukanie śladów HGT. Ponadto, rozszerzeniem tych analiz było zsekwencjonowanie transkryptomu w technologii Illumina RNA-Seq, które umożliwiło sprawdzenie aktywności genów mitochondrialnych, a także identyfikację śladów HGT w obrębie transkryptomu.

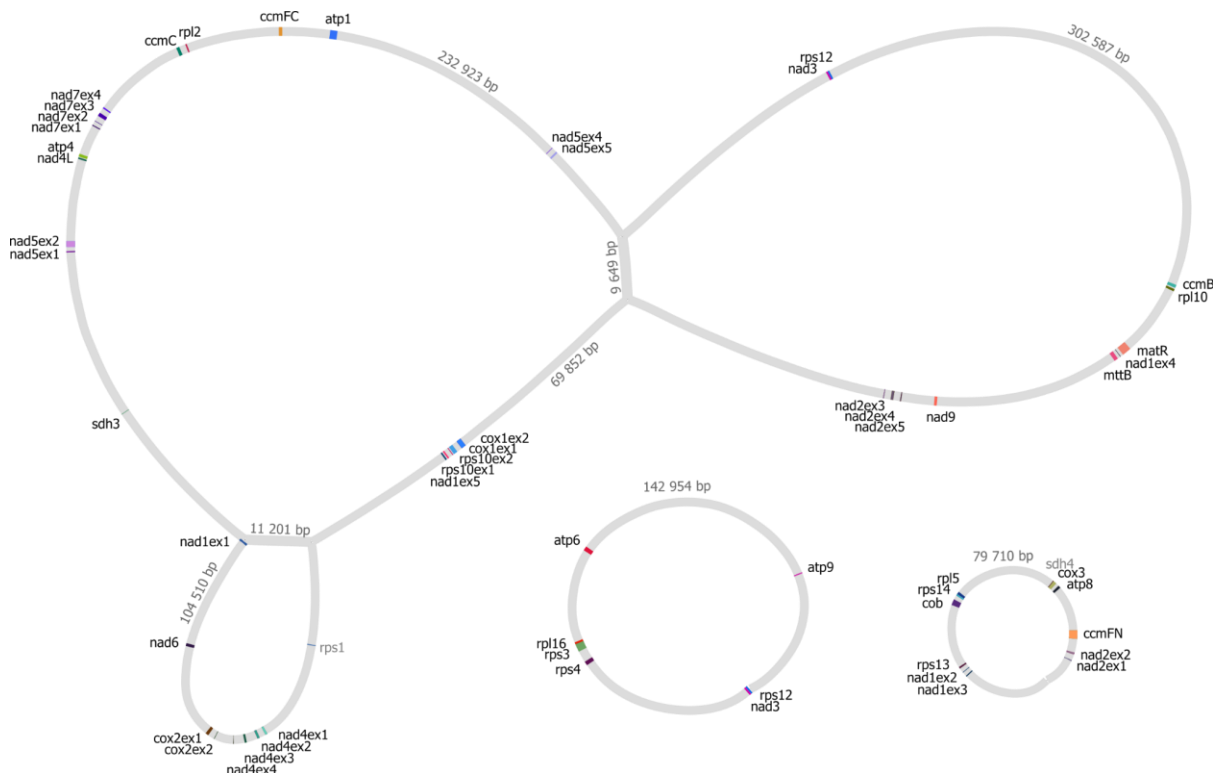


Fig.2. Wizualizacja złożonego genomu mitochondrialnego *P. ramosa* z uwzględnieniem lokalizacji genów, oraz długości poszczególnych odcinków, wykonana przy użyciu programu Bandage [1].

Wyniki wskazują na stosunkowo duży rozmiar genomu mitochondrialnego badanego gatunku. Analiza zawartości genów sugeruje całkowity brak genów: *rps2*, *rps7* i *rps11* w genomie mitochondrialnym *P. ramosa*, potwierdzony analizą transkryptomu. Z kolei obecność jedynie szczątkowych sekwencji genów *rpl2*, *rps1*, *rps19* i *sdh4* w wynikach sekwencjonowania sugeruje ich degradację. Badania przeprowadzone w ramach projektu rzuciły światło na różne aspekty ewolucji genomu mitochondrialnego wyjątkowych organizmów, jakimi są rośliny holopasożytnicze.

Badania wykonano przy wsparciu finansowym Wydziału Biologii w ramach Programu Strategicznego Inicjatywa Doskonałości w Uniwersytecie Jagiellońskim.

