

Strukturalna i funkcjonalna analiza genomów marchwi uprawnej i dzikiej pod kątem identyfikacji genetycznych determinant rozwoju korzenia spichrzowego

Marchew uprawna (*Daucus carota* subsp. *sativus*) jest jednym z najważniejszych warzyw korzeniowych uprawianych na świecie. Pochodzi od marchwi dzikiej (*Daucus carota* subsp. *carota*) i została udomowiona około 1100 lat temu w Azji Centralnej. Główną cechą różniącą marchew uprawną od marchwi dzikiej jest korzeń palowy. W procesie udomowienia cienki, zdrewniały i gorzki w smaku korzeń, obecny u marchwi dzikiej przekształcił się w soczysty, bogaty w cukry i składniki prozdrowotne korzeń spichrzowy. Do tej pory nieznanymi były żadne molekularne mechanizmy warunkujące rozwój korzenia spichrzowego u marchwi uprawnej. Wykorzystując odmiany marchwi uprawnej, dzikie podgatunki i mieszańce (F₂) oraz nowoczesne techniki molekularne, sekwencjonowanie następnej generacji (NGS) i bioinformatyczne metody analizy danych zidentyfikowano i scharakteryzowano główne determinanty genetyczne odpowiedzialne za wykształcenie korzenia spichrzowego, typowego dla marchwi uprawnej. Zidentyfikowano rejon genomu na chromosomie 2, który znajdował się pod presją selekcyjną w czasie udomowienia marchwi oraz zlokalizowany w jego obrębie kandydujący gen udomowienia (*DcAHLc1*) zaangażowany w przyrost korzenia na grubość. Ponadto, *in-silico* zidentyfikowano i scharakteryzowano rodzinę genów (ang. *AT-hook motif nuclear localized; AHL*), do której należy gen *DcAHLc1*. Ponadto, konstruując sieć koekspresji genów udowodniono zaangażowanie 20 genów *AHL* w proces morfogenezy korzenia spichrzowego, wskazując gen *DcAHL38* jako jeden z głównych genów regulatorowych. Dodatkowo, na podstawie wyników analizy różnicowej ekspresji wskazano najważniejsze geny zaangażowane w proces wzrostu i rozwoju korzenia spichrzowego, tj. czynniki transkrypcyjne oraz geny, których ekspresja związana jest z: potranslacyjnymi modyfikacjami białek, sygnalizacją redox i hormonalną, regulacją cyklu komórkowego i mitozy, metabolizmem węglowodanów oraz pobieraniem i transportem wody.

Słowa kluczowe: *Daucus carota*, korzeń spichrzowy, marchew dzika, marchew uprawna, sekwencjonowanie nowej generacji (NGS), rodzina genów *AHL*, różnicowa ekspresja genów, sieć koekspresji, udomowienie