

ALICJA MACKO-PODGÓRNI
KATARZYNA STELMACH
KORNELIA KWOLEK
DARIUSZ GRZEBELUS

Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie Instytut Biologii Roślin i Biotechnologii, Zakład Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
e-mail: kornelia.kwolek@gmail.com

Analiza ekspresji genu kandydującego *DCAF1*, związanego z kształtem korzenia marchwi*

Marchew uprawna (*Daucus carota* subsp. *sativus*) jest rośliną wykorzystywaną produkcyjnie ze względu na walory odżywcze i smakowe korzenia spichrzowego. Kształt korzenia marchwi jest ważną cechą użytkową. Aby sprostać wymaganiom konsumentów, opracowanych zostało wiele odmian marchwi, a preferowany kształt korzenia różni się zależnie od regionu uprawy.

Wpływ na kształt dojrzałego korzenia spichrzowego ma wiele czynników fizycznych takich jak temperatura czy wiek rośliny, czynniki odżywcze oraz związane z uprawą, na przykład gęstość sadzenia, ilość dostarczanej wody, a także gleba. Do tej pory niewiele jednak wiadomo o wpływie genetycznych determinantów na parametry korzenia marchwi.

Mapowanie asocjacyjne (*GWAS, Genome Wide Association Study*) przeprowadzono dla 307 roślin reprezentujących 14 różnych typów kształtu korzenia uwzględniając 6 cech korzenia oraz 81 748 polimorfizmów SNP otrzymanych metodą GBS (*Genotyping by Sequencing*). Wynik umożliwił identyfikację regionu, zlokalizowanego na chromosomie 1, istotnie związanego ze średnicą ramienia. W regionie tym znajduje się gen (LOC108201261) kodujący białko DCAF1 (DDB1- And CUL4-Associated Factor homolog 1). Rośliny należące do 6 odmian marchwi, reprezentujących dwa typy korzenia: Imperator i Oxheart, genotypowano z użyciem sond TaqMan, specyficznych do polimorfizmu w rejonie genu *DCAF1*. Na podstawie wyników, do analizy ekspresji genu *DCAF1* dla każdej z czterech odmian wybrano dwie rośliny z przeciwstawnymi, homozygotycznymi wariantami w rejonie genu kandydującego. Analizę ekspresji przeprowadzono w 4 terminach odpowiadających etapom rozwoju korzenia spichrzowego marchwi od stadium siewki do dojrzałego korzenia.

* Badania finansowane ze środków Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (G7503)

Analiza genów homologicznych wskazuje, że białko kodowane przez gen kandydujący jest odpowiedzialne za rozpoznawanie kompleksu biorącego udział w procesie ubiquitynacji i zależnej od proteasomu degradacji białek. Homolog *DCAF1* z *Arabidopsis thaliana* negatywnie reguluje sygnalizację kwasu abscysynowego (ABA). Na podstawie analizy qPCR stwierdzono wzrost ekspresji badanego genu w terminie III (przyrost korzeni na grubość). Najwyższy poziom transkryptu zaobserwowano dla korzeni typu Oxheart. Wykazano również spadek poziomu transkryptu w dojrzałych korzeniach marchwi, potwierdzając hipotezę, że *DCAF1* może wpływać na ekspresję genów reagujących na ABA, a także na ABA-zależne hamowanie wzrostu korzenia.