

Katedra Biologii Komórki, Centrum Biologii Molekularnej i Biotechnologii,  
Uniwersytet Szczeciński, ul. Wąska 13, 71-415 Szczecin, e-mail: ewa.filip@usz.edu.pl

EWA FILIP, IZABELA SZUĆKO

## Identyfikacja obecności retrotranspozonu *WIS 2-1A* w genomie wybranych odmian pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.)

Identification of the *WIS 2-1A* retrotransposon presence in the genome  
of common wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.)

**Streszczenie.** *WIS 2-1A* były pierwszymi retrotranspozonami zidentyfikowanymi w sekwencjach kodujących wysokocząsteczkowe podjednostki glutenin (HMW-GS). Elementy *WIS 2-1A* należą do rodziny Ty-1 copia. Występują w genomie w różnej liczbie kopii (od kilku do kilku tysięcy kopii na genom). U pszenicy zwyczajnej oszacowano, że występują z częstotliwością 200 kopii na haploidalny genom. Charakteryzuje je duża różnorodność, jednakże większość z nich jest nieaktywna genetycznie. Niniejsze badania potwierdziły obecność retrotranspozonów *WIS 2-1A* w 15 na 26 analizowanych odmianach pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.). Dane literaturowe wskazują, że obecność elementów ruchomych może mieć wpływ na modyfikacje loci gluteninowych. W związku z tym wydaje się, że analiza elementów *WIS 2-1A* w pszenicy zwyczajnej może być pomocna w ocenie jakości glutenu.

**Słowa kluczowe:** *Triticum aestivum* L., *WIS 2-1A*, HMW-GS, odmiany pszenicy

### WSTĘP

W badaniach roślin zbożowych istotnym wyzwaniem współczesnej biologii molekularnej jest charakterystyka genomu Triticeae, plemienia, do którego należą istotne z punktu widzenia rolniczego zboża, tj. pszenica, jęczmień czy ryż.

Czołowym zbożem, uprawianym nie tylko w Polsce, ale i na świecie, jest pszenica zwyczajna (*Triticum aestivum* L.). To przykład gatunku alloheksaploidalnego ( $2n = 6x = 42$ , genom AABBDD), organizmu powstałego dzięki hybrydyzacji trzech diploidalnych przodków z rodzajów *Triticum* i *Aegilops* [Feldman i Levy 2012]. Wynikiem poliploidyzacji jest zwiększenie rozmiaru genomu. Rozmiar genomu pszenicy zwyczajnej (17 000 MB) jest nieporównywalnie większy od rozmiarów genomów roślin modelowych, tj. *Arabidopsis* (130 MB) czy ryżu (430 MB). Wielkość ta związana jest z ilością sekwencji powtarzalnych, które u pszenicy stanowią 90% jej genomu, z czego 60–80% to sekwencje retrotranspozonów [SanMiguel i in. 2002, Wicker i in. 2003, Gu i in. 2006]. Retrotranspozony są powszechnie występującymi w świecie roślin elementami ruchomymi. Opisano je u ponad 100 roślin wyższych należących do różnych rodzajów, m.in. *Avena*,

*Brassica*, *Triticum*, *Vicia*, *Vitis*, *Zea*. Replikacja tych elementów ruchomych prowadzi do gwałtownego wzrostu liczby ich kopii a tym samym do wzrostu wielkości genomu roślinnego [Muñiz i in. 2001]. Sugeruje to, że mają one wpływ na organizację genomową, a także na samą strukturę genetyczną organizmu, w którym występują.

W genomie pszenicy można wyróżnić kilka odrębnych rodzin retrotranspozonów pochodzących od jej diploidalnych przodków. Aktywacja roślinnych retrotranspozonów związana jest z odpowiedzią organizmu na czynniki stresogenne, np. infekcje wirusowe [Matsuoka i Tsunewaki 1999]. W genomach pszenicy najczęściej występującymi retrotranspozonami są: *WIRE1* – występuje w 10 000 kopiach na genom, a także *BIS1* – obecny również w genomach ryżu i jęczmienia, ilość jego kopii stanowi nawet ok. 5% genomu tych gatunków. Często występują również, analizowane w powyższych badaniach, retrotranspozony *WIS 2-1A*, które opisano jako insercje w niemych allelach (ang. null alleles) loci genów *Glu-1A-1* i *Glu-1A-2*, kodujących wysokocząsteczkowe podjednostki glutenin (HMW-GS) [Mondini i in. 2008].

Gluteniny są, obok gliadyn, istotnym komponentem glutenu. Wśród glutenin to gluteniny HMW w znacznej mierze decydują o jakości glutenu, a zatem również o tzw. cechach reologicznych formowanego z mąki ciasta, tj. lepkości, sprężystości, wytrzymałości, rozciągliwości itd. [Branlard i in. 2001, Shewry i in. 2001]. Podjednostki glutenin wysokocząsteczkowe (HMW-GS) są kodowane przez geny następujących loci: *Glu-A1*, *Glu-B1* i *Glu-D1*. Każdy locus zawiera dwa geny kodujące dwa różne typy HMW-GS: *x* i *y*. W analizach przeprowadzonych z zastosowaniem techniki SDS-PAGE HMW-GS typu *x* charakteryzują się wolniejszą mobilnością i większą masą cząsteczkową w porównaniu z HMW-GS typu *y*. Z uwagi na to, że niektóre geny są „uśpione” (null alleles), w praktyce jedna odmiana pszenicy heksaploidalnej może posiadać od 3 do 5 podjednostek HMW-GS. Wykazano, że pszenica zwyczajna powinna zawierać 6 różnych podjednostek HMW-GS kodowanych przez te geny. Jednak ze względu na wyciszenie niektórych z nich w odmianach pszenicy najczęściej występuje 3–5 podjednostek HMW-GS (*T. durum* zawiera 1–3 podjednostki). Z tego względu wszystkie pszenice heksaploidalne zawierają podjednostki *1Bx*, *1Dx* i *1Dy*, czasami są też *1By* i *1Ax*. Podaje się, że allel kodujący podjednostkę *1Ay* jest zawsze wyłączony w genomie heksaploidalnej pszenicy, a *1Ax* jest czynny bardzo rzadko [Du i in. 2006].

Teoretycznie na podstawie obecności korzystnych lub nie poszczególnych podjednostek gluteninowych w trzech genomach pszenicy można z pewnym prawdopodobieństwem przewidzieć jakość wypiekową ziarna danej odmiany. Dlatego też niezwykle istotne wydaje się nie tylko analizowanie poszczególnych podjednostek glutenin, ale i genów je kodujących. Stąd w niniejszej pracy analizowano występowanie retrotranspozonu *WIS 2-1A* w wybranych odmianach pszenicy zwyczajnej.

#### MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiło 26 odmian pszenicy zwyczajnej zarejestrowanych w latach 1959–1973 (*Triticum aestivum* L.) (tab. 1). Materiał pochodził ze zbiorów Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie. Z każdej odmiany pszenicy do analiz pobierano 30 losowo wybranych ziarniaków.

Genomowe DNA izolowano z koleoptyli (0,2 g na próbę) etiolowanych siewek za pomocą zestawu Wizard® Genomic DNA (Promega). Tak wyizolowane DNA poddano

ocenie ilościowej i jakościowej poprzez pomiar absorbancji przy długości fali 230, 260 i 280 nm. Do wykonania takiego pomiaru wykorzystano system spektrofotometryczny typu NanoDrop 2000c (Thermo Scientific, Madison, USA).

Tabela 1. Wykaz badanych odmian pszenicy zwyczajnej z uwzględnieniem: wyników reakcji PCR oraz składem wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych HMW-GS analizowanych za pomocą SDS-PAGE [Filip 2010]

Table 1. List of the studied the wheat cultivars with regard to: the results of the PCR reaction and high-molecular-weight glutenin subunit HMW-GS analyzed using SDS-PAGE [Filip 2010]

Lp. No.	Odmiana/ Cultivar	Produkty PCR dla <i>WIS 2-1A</i> / Products of PCR for <i>WIS 2-1A</i>	Skład podjednostek HMW-GS w loci <i>Glu-1</i> / Composition of HMW-GS subunits in loci <i>Glu-1</i>		
			<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>
1	Wysokolitewka Sztynnosłoma	–	null	7+9	2+12
2	Magnatka Rogalińska	–	1	6+8	2+12
3	Niewylegająca	+	null	7+9	5+10
4	Squarehead Grodkowicka	+	1	7+9	2+12
5	Biała Kaszubska	–	1	7+9	2+12
6	Ostka Czerwona Łopuska	–	null	7+9	5+10
7	Ostka Mikulic Selit	–	null	7+8(9)	2+12
8	Ostka Górczańska	+	null	7	5+10
9	Wysokolitewka Antonińska	–	1	7+9	2+12
10	Ostka Kazimierska	–	1	7+8(9)	2+12
11	Srebrzysta	+	null	6+8	5+10
12	Mudczanka Czerwona	+	2*	20	2+12
13	Sielecka Genetyczna	–	1	7+9	5+10
14	Sobieszynska	–	1	7+9	5+10
15	Balta	+	null	20	2+12
16	Mydlniczanka	+	1	22	5+10
17	Eka Nowa	+	1	6+8	2+12
18	Antonińska	+	1	7+9	2+12
19	Dańkowska Biała	+	null	7+9	5+10
20	Udyczanka Czerwona	+	1	22	5+10
21	Tryumf Mikulic	–	null	7+8	5+10
22	Sobótka	+	1	20	5+10
23	Poznańska Biała	+	null	7+8	2+12
24	Murzynka Lipińskiego	+	1	20	5+10
25	Żelazna	+	null	20	2+12
26	Ślązaczka	–	null	7+8	5+10

+ obecność produktu amplifikacji dla *WIS 2-1A*

– brak produktu amplifikacji dla *WIS 2-1A*

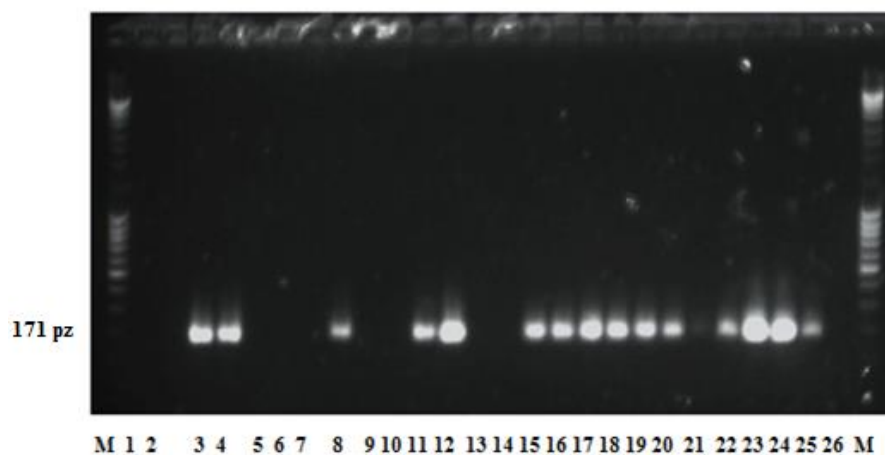
W badaniach amplifikowano sekwencje genu kodującego integrzę retrotranspozonu *WIS 2-1A* zlokalizowanego w genomie A pszenicy zwyczajnej. Do reakcji wykorzystano następującą parę starterów: *WIS-1* integrazy: 5'TATTCACTGCATGCCTCAGC3' oraz *WIS-2* integrazy: 5' TGGACCGTTTGACTCACTTG 3'. Startery te zostały zaprojektowane do sekwencji z bazy danych NCBI (National Center for Biotechnology

Information) o numerze akcesyjnym X63184.1 i zostały zsyntezowane w Pracowni Sekwencjonowania i Syntezy DNA IBB PAN w Warszawie. Reakcje PCR prowadzono w termocyklerze T100™ Thermal Cycler (Bio-Rad).

Reakcję PCR przeprowadzono w objętości 25 µl mieszaniny w składzie: 1x bufor (Novazym), 0,28 mM MgCl<sub>2</sub>; 0,2 mM dNTP; 0,4 mM starter; 100 ng DNA; polimeraza 1U Allegro Taq 2,5 U/1 µl (Novazym). Reakcję prowadzono w dwóch powtórzeniach. Zastosowano następujący profil termiczny reakcji: wstępna denaturacja – 95°C przez 5 min, następnie 34 cykle 95°C, 30 s; 52°C; 30 s, 72°C, 1 min oraz końcowe wydłużanie 72°C przez 5 min. Produkty amplifikacji rozdzielano w 1,5% żelu agarozowym (agaroza Prona) w 1x TBE (0,89 M Tris, 0,89 M kwas borowy, 2 mM EDTA, wszystkie odczynniki – Sigma) przez 1,5 h przy napięciu 85 V. Do żelu dodany był bromek etydyny (Sigma) w stężeniu 0,1 µg/ml. Wyniki elektroforezy zapisywano za pomocą GelDoc XR (Bio-Rad) w programie Quantity One® (Bio-Rad), za pomocą którego dokonano analizy elektroforegramów.

#### WYNIKI

W wyniku przeprowadzonej reakcji amplifikacji w 15 badanych odmianach pszenicy zwyczajnej otrzymano produkt o oczekiwanej długości 171 pz. Obecność produktu amplifikacji genu kodującego integrację świadczyła o obecności retrotranspozonu *WIS 2-IA* w genomie A analizowanych odmian. Natomiast u pozostałych 11 nie stwierdzono obecności produktu w tym genomie (rys. 1, tab. 1).



Linie/ Lines: M – marker masowy/ size marker (*Mass Ruler™DNA Ladder Mix*), 1. Wysokolitewka Sztynnosłoma, 2. Magnatka Rogalińska, 3. Niewylegająca, 4. Squarehead Grodkowicka, 5. Biała Kaszubska, 6. Ostka Czerwona Łopuska, 7. Ostka Mikulic Selit, 8. Ostka Górczańska, 9. Wysokolitewka Antonińska, 10. Ostka Kazimierska, 11. Srebrzysta, 12. Mudczanka Czerwona, 13. Sielecka Genetyczna, 14. Sobieszynska, 15. Balta, 16. Mydlniczanka, 17. Eka Nowa, 18. Antonińska, 19. Dańkowska Biała, 20. Uduczanka Czerwona, 21. Tryumf Mikulic, 22. Sobótka, 23. Poznańska Biała, 24. Murzynka Lipińskiego, 25. Żelazna, 26. Ślązaczka, M – marker masowy/ size marker (*Mass Ruler™DNA Ladder Mix*)

Rys. 1. Rozdział elektroforetyczny produktów amplifikacji fragmentu retrotranspozonu *WIS 2-IA*  
Fig. 1. Electrophoresis image of the amplification products obtained for *WIS 2-IA* retrotransposon

Ponadto w tabeli 1 zamieszczono wykaz wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (HMW-GS) w analizowanych odmianach pszenicy zwyczajnej [Filip 2010]. Wyniki te wykorzystano w celu porównania i zaobserwowania ewentualnych korelacji między obecnością/brakiem produktu amplifikacji fragmentu genu kodującego integrację retrotranspozonu *WIS 2-1A* a podjednostką glutenin wysokocząsteczkowych HMW-GS w locus *Glu-A1*. W toku badań nie zaobserwowano jednak takich zależności.

#### DYSKUSJA

Elementy *WIS 2-1A* były pierwszymi retrotranspozonami zidentyfikowanymi u pszenicy w podjednostkach gluteninowych o dużej masie cząsteczkowej (HMW-GS) [Harbert i in. 1987].

Retrotranspozony ze względu na budowę można podzielić na dwie klasy: retrotranspozony zawierające długie proste powtórzenia na końcach (LTR) i retrotranspozony niezawierające tych powtórzeń (non-LTR). Z kolei wśród retrotranspozonów LTR można wyróżnić dwie podgrupy – Ty1-*copia* i Ty3-*gypsy*. To właśnie retrotranspozony zawierające LTR są najliczniej występującą grupą elementów ruchomych w genomach roślinnych, u traw ich zawartość sięga 90% wielkości genomu [Kraitshtein i in. 2010]. *WIS 2-1A* analizowane w powyższych badaniach przynależą do rodziny Ty1-*copia*. Elementy te mają długie terminalne powtórki (LTR), które ograniczają obszar o długości 5114 pz. Długość LTRów wynosi 1755 pz, powodując tym samym, że retrotranspozony *WIS 2-1A* zajmują drugie miejsce wśród retrotranspozonów pod względem długości sekwencji LTR [Murphy i in. 1992]. Sekwencje LTR początkowo były znacznie krótsze, ich długość pierwotnie wynosiła około 300–500 pz. Podczas ewolucji długość ta ulegała zwiększaniu, co było wynikiem akumulujących się mutacji w tym obszarze [Lucas i in. 1992]. Retrotranspozony Ty1-*copia* w swojej strukturze mają domeny *gag* i *pol*. W obrębie obszaru *gag* znajduje się gen kodujący białko podobne do białka kapsydu wirusa, od którego pochodzą te retroelementy. Z kolei obszar kodujący kilka białek (*pol*) zawiera geny proteazy (*prot*), odwrotnej transkryptazy (*rt*), integrazy (*int*) i Rnazy H (*Rnase H*). Elementy z grupy Ty1-*copia* mają następującą kolejność tych genów: LTR-*gag-prot-int-rt-RnaseH-LTR* [Rogalska i in. 2004].

Mając na względzie strukturę retrotranspozonu *WIS 2-1A*, w niniejszych badaniach amplifikowano jedną z sekwencji będących jego integralną częścią, dzięki czemu możliwe stało się zidentyfikowanie obecności tego elementu ruchomego w genomie A wybranych pszenic uprawnych.

Homologiczne sekwencje do tych retrotranspozonów znaleziono u *Triticum monococcum*, *Secale cereale*, *Triticum speltoides*, *Aegilops squarrosa*, *Triticum turgidum* L., *Triticum aestivum* L. (odmiana Chinese Spring i Pané 247) i *Triticosecale Wittmack* (odmiana Presto i Torote) [Muñiz i in. 2001]. Fakt ten wskazuje, że *WIS 2-1A* były prawdopodobnie obecne już w genomie nieznanego przodka Triticeae i tylko w rzadkich przypadkach stawały się aktywne.

Badania genów kodujących gluteniny w genomie A pszenic heksaploidalnych *Glu-1A-1* i *Glu-1A-2* wskazują, że geny te oddzielone są od siebie obszarem o długości 51489 pz. Harbert i in. [1987] wykazali obecność 8kb insertu DNA w locus genu *Glu-A1* zlokalizowanym na chromosomie 1A genomu pszenicy. Sekwencją insercyjną okazał się retrotranspozon *WIS 2-1A*, który spowodował wyciszenie aktywności tego genu.

W obszarze genu *Glu-1A-2* również zidentyfikowano elementy ruchome *WIS 2-1A* [Muñiz i in. 2001]. *WIS 2-1A* są nazywane nieaktywnymi retrotranspozonomi, które tylko w rzadkich przypadkach mogą być aktywne w układzie trans [Muñiz i in. 2001, Rogalska i in. 2004].

Dane literaturowe wskazują, że elementy *WIS 2-1A* występują z dużą częstotliwością – 200 kopii na haploidalny genom pszenicy zwyczajnej. Jednakowoż elementy *WIS 2-1A* w wyniku akumulacji mutacji straciły zdolność do autonomicznej transpozycji [Mondini i in. 2008]. Wiele roślinnych retrotranspozonów w swojej strukturze wykazuje wewnętrzne insercje lub delekcje najprawdopodobniej powstałe na skutek transpozycji tych elementów. To nie jest równoznaczne z faktem, że takie retrotranspozony nie są zdolne do retrotranspozycji z jednego genomu do innego. To z kolei przyczynia się do zwiększenia ilości ich kopii w pozostałych genomach. Retrotranspozony LTR, analizowane w powyższych badaniach, są wysoce heterogeniczną grupą elementów ruchomych. Mondini i in. [2008] analizowali za pomocą techniki real-time PCR liczbę kopii retrotranspozonu *WIS 2-1A* u *T. monococcum*, *T. dicoccum* i *T. spelta*. Najmniejszą liczbę kopii tego retrotranspozonu wykazano u *T. monococcum*, co związane jest z faktem, że pszenica samopsza ma najmniejszy genom spośród pszenic analizowanych przez badaczy. U *T. spelta* i *T. dicoccum* liczba kopii *WIS 2-1A* była porównywalna. Było to zgodne z badaniami Moore'a i in. [1991], którzy z kolei wzięli pod uwagę gatunki: *T. aestivum* (genom A, B, D), *Ae. longissima* (genom S), *Ae. squarrosa* (genom D) oraz *T. monococcum* (genom A). Udowodnili, że więcej kopii retroelementu *WIS 2-1A* występuje w genomie B niż w genomach A i D. Z kolei Bonchev i in. [2010] wykazali, że liczba transkryptów *WIS 2-1A* jest większa u *Triticale* niż u analizowanych przez nich heksaploidalnych form pszenic, pomimo że wyniki amplifikacji genomowego DNA wskazywały odwrotnie. Badacze wykazali także, że elementy ruchome *BARE-1/WIS 2-1A* lokują się w obrębie genów kodujących gluteniny oraz  $\gamma$ -gliadyny. Wyniki te sugerują, że dynamika retrotranspozonu wpływa nie tylko na strukturę, ale i funkcje tych loci. Dodatkowo naukowcy stwierdzili, że aktywność transkrypcyjna elementów *WIS 2-1A* nie współgra z ich aktywnością transpozycyjną. To związane jest z faktem, że odwrotna transkryptaza w czasie swojej aktywności może popełniać błędy, co z kolei skutkuje powstawaniem różnych populacji, blisko spokrewnionych, transkrypcyjnie nieaktywnych siostrzanych kopii tego elementu ruchomego.

Uwzględniając dane literaturowe [Moore i in. 1991, Muñiz i in. 2001, Mondini i in. 2008], w niniejszych badaniach zastosowano klasyczną technikę PCR, która okazała się wystarczająca do potwierdzenia bądź wykluczenia obecności sekwencji genomowej genu kodującego integrazę *WIS 2-1A*, będącej integralną częścią struktury retroelementu (rys. 1). Badania przeprowadzono u 26 wybranych odmian pszenicy zwyczajnej, w których genomie A teoretycznie powinny znaleźć się sekwencje tego retroelementu. Natomiast wyniki analiz wykazały, że fragment tego retroelementu znajdował się jedynie u niewiele ponad połowy (58%) analizowanych odmian pszenicy. Co więcej, nie wykazano korelacji między występowaniem genu kodującego integrazę *WIS 2-1A* w genomie A analizowanych pszenic a opisanym dla nich składem podjednostek gluteninowych HWM-GS.

Podsumowując, mechanizm dynamiki retrotranspozonu *WIS 2-1A* nie jest dokładnie znany, wiemy natomiast, że staje się bardziej aktywny w odpowiedzi na stres biotyczny i abiotyczny, zwiększając tym samym ekspresję genów wysokocząsteczkowych podjednostek gluteninowych (HMW-GS).

## WNIOSKI

1. Stwierdzono obecność genu kodującego integrację retrotranspozonu *WIS 2-1A* u większości badanych odmian pszenicy zwyczajnej (58%).
2. Zarówno pszenice zwyczajne cechujące się dobrym (Mudyczanka Czerwona – 2\*), jak i złym (Żelazna – *null*) genotypem HMW-GS – w locus *Glu-A1* zawierają sekwencje genu kodującego integrację. Wskazuje to na obecność retrotranspozonu *WIS 2-1A* (albo jego fragmentu) w genomie A badanych odmian pszenicy zwyczajnej.
3. Nie wykazano korelacji pomiędzy obecnością genu kodującego integrację *WIS 2-1A* a obecnością poszczególnych podjednostek glutenin HMW-GS, tj. *Ax1*, *Ax2\**, *null*.

## PIŚMIENNICTWO

- Branlard G., Dardevet M., Saccomano R., Lagoutte F., Gourdon J., 2001. Genetic diversity of wheat storage proteins and bread wheat quality. *Euphytica* 119, 59–67.
- Bonchev G., Georgiev S., Pearce S., 2010. Retrotransposons and ethyl methanesulfonate induced diversity in hexaploid wheat and Triticale. *Cent. Eur. J. Biol.* 5(6), 765–776.
- Du C., Swigoňová Z., Messing J., 2006. Retrotranspositions in orthologous regions of closely related grass species. *BMC Evol. Biol.* 6(62), 1–12.
- Feldman M., Levy A.A., 2012. Genome evolution due to allopolyploidization in wheat. *Genetics* 192(3), 763–774.
- Filip E., 2010. Badanie zmienności genetycznej grupy odmian pszenicy heksaploidalnej *Triticum aestivum* L. za pomocą izoenzymów i markerów STS (PCR-DNA). Praca doktorska, Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Szczeciński, 40–42.
- Gu Y.Q., Salse J., Coleman-Derr D., Dupin A., Crossman C., Lazo G.R., Huo N., Belcram H., Ravel C., Charmet G., Charles M., Anderson O.D., Chalhou B., 2006. Types and rates of sequence evolution at the high-molecular-weight glutenin locus in hexaploid wheat and its ancestral genomes. *Genetics* 174(3), 1493–1504.
- Harbert N.P., Flavell R.B., Thompson R.D., 1987. Identification of a transposon-like insertion in a *Glu-1* allele of wheat. *Mol. Genet. Genomics* 209, 326–332.
- Kraitshtein Z., Yaakov B., Khasdan V., Kashkush K., 2010. Genetic and epigenetic dynamics of retrotransposon after allopolyploidization of wheat. *Genetics* 186, 801–812.
- Lucas H., Moore G., Murphy G., Flavell R., 1992. Inverted repeats in the long-terminal repeats of the wheat retrotransposon *WIS 2-1A*. *Mol. Biol. Evol.* 9, 716–728.
- Matsuoka Y., Tsunewaki K., 1999. Evolutionary dynamics of Ty1-copia group retrotransposons in grass shown by reverse transcriptase domain analysis. *Mol. Biol. Evol.* 16(2), 208–217.
- Mondini L., Porceddu E., Pagnotta M.A., 2008. Real-Time PCR, a tool for the analysis and quantitation of *WIS 2-1A* retrotransposon in hulled wheat. *Proceedings of the 11th International Wheat Genetics Symposium*, 24–29 August 2008, Brisbane, 2, 435–438.
- Moore G., Lucas H., Batty N., Flavell R., 1991. A family of retrotransposons and associated genomic variation in wheat. *Genomics* 10, 461–468.
- Muñiz L.M., Cuadrado A., Jouve N., González J.M., 2001. The detection, cloning, and characterization of *WIS 2-1A* retrotransposon-like sequences in *Triticum aestivum* L. and *×Triticosecale* Wittmack and an examination of their evolution in related Triticeae. *Genome* 44(6), 979–989.
- Murphy G.J.P., Lucas H., Moore G., Flavell R.B., 1992. Sequence analysis of *WIS 2-1A*, a retrotransposon-like element from wheat. *Plant Mol. Biol.* 20, 991–995.

- Rogalska S.M., Kalinka A., Achrem M., Słomińska-Walkowiak R., Skuza L., Filip E., 2004. Genetyczne elementy ruchome u roślin i innych organizmów. *Kosmos Probl. Nauk Biol.* 53, 325–342.
- SanMiguel P.J., Ramakrishna W., Bennetzen J.L., Busso C.S., Dubcovsky J., 2002. Transposable elements, genes and recombination in a 215-kb contig from wheat chromosome 5A(m). *Funct. Integr. Genom.* 2, 70–80.
- Shewry P.R., Tatham A.S., Fido R., Jones H., Barcelo P., Lazzeri P.A., 2001. Improving the end use properties of wheat by manipulating the grain protein composition. *Euphytica* 119, 45–48.
- Wicker T., Yahiaoui N., Guyot R., Schlagenhauf E., Liu Z.D., Dubcovsky J., Keller B., 2003. Rapid genome divergence at orthologous low molecular weight glutenin loci of the A and Am genomes of wheat. *Plant Cell.* 15, 1187–1197.

**Summary.** *WIS 2-IA* elements were the first retrotransposons identified in a High Molecular Weight glutenin subunit (HMW-GS) of wheat. *WIS 2-IA* belong to the *Ty-1 copia* family. They occur in very different copy numbers, ranging from tens of thousands to just a few copies per genome. The copy number of *WIS 2-IA* was estimated to be about 200 per haploid genome in *Triticum aestivum* L. They are characterized by great diversity, while most of the sequences of those retrotransposons are inactive. The results obtained and presented in this study confirm the presence of *WIS 2-IA* retrotransposons in the genome of common wheat (*Triticum aestivum* L.). In this study, the integrase gene for *WIS 2-IA* occupying locus X63184.1 was used. This gene was identified in 15 from among 26 cultivars of common wheat (*Triticum aestivum* L.). The literature indicates that the presence of mobile elements can affect modifications of glutenins loci. Thereupon, it seems that analyzing *WIS 2-IA* in common wheat may be helpful to predict gluten quality.

**Key words:** *Triticum aestivum* L., *WIS 2-IA*, HMW-GS, common wheat