

Szálkaperjétől a búzáig

Dr. Szécsényi Mária

MTA SZBK Növénybiológiai Intézet

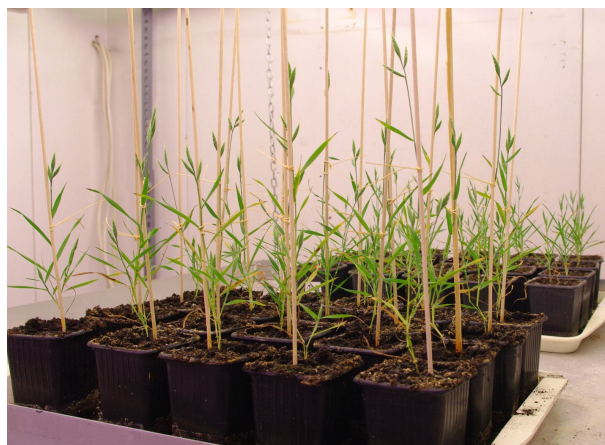
szecsényi.maria@brc.mta.hu



2010 februárjában jelent meg az egyik leg-rangosabb tudományos folyóirat, a Nature hasábjain, hogy befejezték a szálkaperje (*Brachypodium distachyon*), egy szinte ismeretlen fű genomjának szekvenálását, vagyis az említett faj genetikai információja hozzáférhető mindenki számára.

Hogy miért olyan fontos ez a hír? **Mert napjainkban a szálkaperje vált a mérsékeltövi fűfélék modellnövényévé.** Hogy ez mit takar pontosan? A válasz e növényfaj rokonságában rejlik. Ugyanis a szálkaperje a pászitfűfélék (*Poaceae*) perjeformák (*Pooideae*) alcsaládjába tartozván olyan fontos, gazdasági növényekkel áll közeli rokonsági kapcsolatban, mint a búza (*Triticum aestivum*), a rozs (*Secale cereale*), az árpa (*Hordeum vulgare*) és a zab (*Avena sativa*). Ha figyelembe vesszük a birtokunkban lévő genetikai tudásanyagot, genomja méretében is vonzóan kicsi (172-355 Mbp) pl. a búzáéval ellentétben (1,6 Gbp). Ha ennyi nem volna elég e titulushoz, sorolhatnánk további, a tudóstársadalom szempontjából előnyös tulajdonságait. Itt van például a növény földrajzi elterjedése: Dél-Európától Észak-Afrikán és Délnyugat-Ázsián át Kelet-Indiáig őshonos, és ennek megfelelően nagy genetikai változatosságot is mutat. Hazánkban viszont csupán rokonfajai élnek, pl. az erdei szálkaperje (*Brachypodium sylvaticum*). Ebből eredően – a modellnövény önbeperzáló jellegét is tekintve – nem várható keresztbeperzés, vagyis hogy a kísérleti növény kikeresztöződik, és ezzel egy ökológia „szennyezést” indítana el, mivel a faj természetes elterjedése megáll Magyarországon alatt. Azonban a mind nagyobb mértékű öltő klímaváltozás, ami hazánkat mediterrán éghajlathoz közelíti, magával vonhatja a növény észak felé irányuló területfoglalását.

A növények fizikai mérete (20-30 cm) és rövid, **három hónapos tenyészideje szintén nagy előnyt jelent a fentebb említett gabonafélékkel szemben**, ami elősegíti több növény több generációjának kisebb helyen való nevelését és vizsgálatát.



A szálkaperje növények néhány cm-es palántanevelő edényekben felnevelhetők termésbozásig

Funkcionális genomikai vizsgálatokhoz, vagyis az egyes gének és az általuk kódolt fehérjék funkciójának, valamint a közöttük létrejövő interakcióknak a felderítéséhez jelentősen hozzájárulnak a különböző TILLING (<http://www-urgv.versailles.inra.fr/tilling/brachypodium.htm>) és T-DNS (Thole és mtsai. 2010, <http://www.brachytag.org/>) **mutánskollekciók, amelyek egyre bővülő forrást jelentenek a szálkaperjével foglalkozó kutatóknak.** A TILLING (*Targeting Induced Local Lesions in Genomes*) mutánsokat létrehozó módszer alapja egy kémia ágenssel (etilmetánszulfonát – EMS) megvalósított mutagenézis, míg a T-DNS alapú módszer lényege az *Agrobacterium tumefaciens* vagy az *Agrobacterium rhizogenes* által hordozott T-DNS (transzfer DNS) bejuttatása növényi sejtekbe, amely folyamat T-DNS beépülésével jelzett, és ezáltal működésképtelenné tett géneket eredményez. További funkcionális genomikai megoldás a génbevitel – amelynek elvégzése sokkal egyszerűbb ennél a fajnál mint pl. a búzánál – vagyis olyan genetikai módosítások elvégzése *Agrobacterium* közreműködésével (Vogel és mtsai. 2006), amelynek célja: 1) a gének

térbeli és időbeli működésének vizsgálata a gén szabályozó régiójának (promoter) bejuttatásával; 2) a gének által kódolt fehérjék túltermeltetése és az ebből adódó fenotípusos változások követése; 3) a gének lecsendesítése és az ebből fakadó fenotípusos változások követése. A teljes genom szekvencia együttesen e különböző mutánsokkal közelebb visz bennünket a gének és az általuk kódolt fehérjék növényi szervezetben betöltött szerepének feltérképezésére.

Az ember által létrehozott genetikai változatokon túl a szálkaperjén belüli nagyszámú, természetes variancia is elősegíti a faj egyes tulajdonságait kódoló genetikai háttér tanulmányozását – egy 56 földrajzi helyről begyűjtött 187 féle ökotípus alkotta gyűjtemény kellő genetikai változatoságot biztosít (Vogel és mtsai. 2009). Munkánk során e természetes diverzitást igyekeztünk kihasználni, mikor célul tűztük ki a különböző ökotípusok gyökérzetének vizsgálatát optimális és csökkentett vízellátottság esetén. A munka alapját a szálkaperje és a búza gyökérzetének hasonlósága képviselte (Watt és mtsai. 2010). Ugyanis a két faj föld alatti részét alkotó egyes gyökértípusok, úgymint az elsődleges (*primary axile root* – PR), a különböző szárcsomóból fejlődő, azaz koleoptil-nodális (*coleoptile node axile root* – CNR) és levél-nodális (*leaf node axile root* – LNR) gyökerek, valamint az elsődleges oldalgyökerek (*first order lateral root* – LR) jelentős fejlődési és anatómiai analógiát mutatnak.

Munkánk első fázisában a PR, CNR és LNR gyökértípusok hosszát és csúcsi átmérőjét, valamint ezen paraméterek hajtáshozhoz és -tömeghez viszonyított kapcsolatát vizsgáltuk 22 ökotípus esetében. A vizsgált vonalak kiválasztásának alapját Luo és mtsai (2010) kutatási eredményei képezték – az említett kézirat 54 ökotípus hajtásparamétereinek szárazságstressz hatására bekövetkező változásán alapuló csoportosítást foglalja össze. **Az eredményeket főkomponens-analízissel kiértékelve elmondhatjuk, hogy az egyes ökotípusok jól elkülöníthetők egymástól a hajtáshossz és -tömeg, illetve az elsődleges gyökér hossza, valamint e paraméterek egymáshoz való viszonyulása alapján** mind optimális, mind korlátozott vízellátottság esetén. Mindazonáltal információt kaptunk a növények szárazságstresszre adott válaszárol is e paraméterek tükrében, mivel nagyfokú variabilitás figyelhető meg az egyes genotípusok között. Ezeket az eredményeket tenyészedényekben nevelt növények vizsgálatával nyertük, amely kísérleti rendszer ugyanakkor nem alkalmas bizonyos, gyökérfelépítésre jellemző paraméterek, pl. megnyúlási sebesség követésére. **Ezért a további vizsgálatokat már üvegfalú gyökérszekrények (rizotronok) felhasználásával végeztük**, amely lehetővé tette olyan saját-

ságok mérését is, mint a megnyúlási sebesség, a nodális, illetve az oldalgyökerek kibújásának időpontja, oldalgyökér-sűrűség, a talaj gyökérzet általi lefedettsége, az elsődleges gyökér rendhagyó fejlődése (agravitropizmus, nagyszámú kanyarulat), az oldalgyökerek kifejlődésének a gravitációs tengelyhez mért szöge, stb. Továbbá a felsorolt paraméterek növénymagassághoz viszonyított kapcsolatának elemzésére is lehetőségünk nyílt.

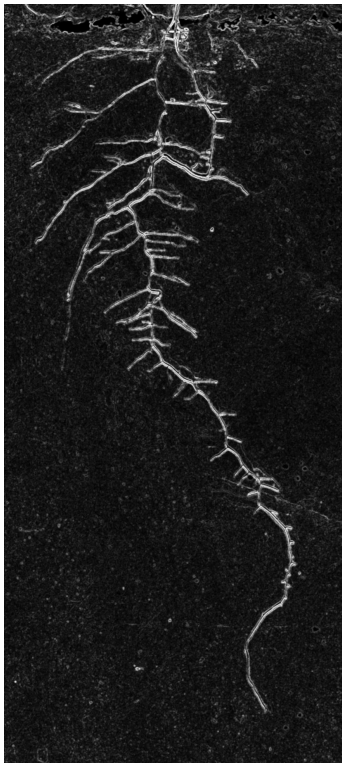


Szálkaperje nevelése ellenőrzött vízellátás mellett

Az egyes ökotípusoknál számos gyökértulajdonság mutatott vagy növekedést, vagy csökkenést a vízmegvonás hatására az öntözött növényekhez viszonyítva. A kapott eredmények alapján többek között elkülönítettünk egy olyan, szárazságtűrő ökotípust, melynek elsődleges gyökere (PR) jelentős hossznövekedéssel válaszolt a csökkent talajvíztartalomra. Mindemmellett a főgyökér egyenesebb mivolta és jobban a gravitáció irányába mutató növekedése is szembeötlő volt a kontroll körülmények között nevelt növények gyökérzetéhez képest. Mindezen tulajdonságváltozások hozzájárulnak a gyökér, és ennek révén az egész a növény vízkereső stratégiájához. A nodális gyökértípusok közül a koleoptil-nodálisak (CNR) fejlődése többnyire visszaszorult: vagy a számuk, vagy a hosszuk vagy a növekedési intenzitásuk csökkent. Az egyik érdekes ökotípusnál egyáltalán nem is fejlődtek ki koleoptil-nodális gyökerek a vízmegvonás hatására. Az oldalgyökerek (LR) esetében viszont talákoztunk olyan genotípussal, amelyik csökkentette e gyökértípusainak a számát, és olyannal is, amelyik megnövelte azt az öntözés hiányának következtében. Ami a levél-nodális gyökértípust (LNR) illeti, egyes szálkaperjevonalak esetében egyáltalán nem fejlődtek ki sem öntözés, sem csökkentett talajvíztartalom mellett. Az itt felsorolt különbözőségek kedvező alapot biztosítanak az olyan kísérleteknek, amelyek célja az egyes gyökértípusok fejlődését szabályozó molekulák, jelátviteli utak felkutatása és pontos szerepük beazo-

nosítása. A növény magassága tekintetében az oldalgyökök hossza, gyakorisága az elsődleges gyökéren, a levél-nodális gyökök száma, hossza és kibújásuk ideje, valamint a gyökérzet teljes hossza bizonyult pozitívan vagy negatívan befolyásoló paraméternek. Korábbi kísérleteink során egyenes arányú összefüggést tapasztaltunk a szálkaperje magassága és a zöldtömegének mérete között. Mivel a növény hajtástömege (biomassza) fontos mind a növény energetikai viszonyai, mind a várható termés szempontjából, ezért a növény magasságát befolyásoló gyökértényezőik ismerete rendkívül fontos.

A fent említett eredményeink rövid szemléltetése csak egy szelete annak a számtalan lehetőségnek, amit a gyökérfejlődés kutatásában elérhetünk. Ami viszont tovább emeli a kapott eredmények súlyát, hogy általuk átláthatóbbá, érthetőbbé válik a „közeli rokonok”, a kenyérüket és jószágaink takarmányát is adó búza, árpa és rozs gyökérfejlődése is, amely a nemesítő munkájában is segítséget nyújthat. Hasonlóan a kétszikűek modellnövényéhez, a lúdfűhöz (*Arabidopsis thaliana*), - amelynek tanulmányozásával ismereteket szereztünk és szerzünk a káposztafélék családjába tartozó fontos haszonnövényekről is, mint pl. a repce – a szálkaperje is megbízható modell növényévé vált a hazánkban fontos gabonaféléknek.



Szálkaperje gyökérzete rhi-zotronban

Irodalomjegyzék

- Luo N, Liu J, Yu X, Jiang Y (2011) Natural variation of drought response in *Brachypodium distachyon*. *Physiologia Plantarum*, 141: 19–29.
- Thole V, Worland B, Wright J, Bevan MW, Vain P (2010) Distribution and characterization of more than 1000 T-DNA tags in the genome of *Brachypodium distachyon* community standard line Bd21. *Plant Biotechnology Journal*, 8: 734–747.
- Vogel JP, Garvin DF, Leong OM, Hayden DM (2006) *Agrobacterium*-mediated transformation and inbred line development in the model grass *Brachypodium distachyon*. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 84: 199–211.
- Vogel JP, Tuna M, Budak H, Huo N, Gu YQ, Steinwand MA (2009) Development of SSR markers and analysis of diversity in Turkish populations of *Brachypodium distachyon*. *BMC Plant Biology*, 9: 88.

Köszönetnyilvánítás

Külön köszönet illeti Sándor Györgyit, csoportunk laboránsát odaadó munkájáért. Kutatásunk az Országos Tudományos Kutatási Alapprogramok (OTKA–K76273, OTKA-K109719) támogatásával valósult meg.