

AZ AGRÁRIUM JELENÉT, JÖVŐJÉT FORMÁLÓ MOLEKULÁRIS NÖVÉNYBIOLÓGIA ÉS ZÖLD BIOTECHNOLÓGIA

Dudits Dénes

az MTA rendes tagja, emeritus kutatóprofesszor,
MTA Szegedi Biológiai Központ Növénybiológiai Intézet, Szeged
dudits.denes@brc.mta.hu

A 2014. április 2-án megrendezett tudományos ülés előadásai és a jelen kötet tanulmányai mindenkit meggyőzhetnek a hazai növénytudományi kutatás nemzetközi rangú sikerességéről. A rendezvény elsődleges célja az volt, hogy fórumot biztosítson a molekuláris növénybiológia és zöld biotechnológia szerepének és jelentőségének bemutatásához, akkor, amikor nem árt tudatosítani, hogy a tudomány hozzájárulása nélkül kevés az esély napjaink és a jövő globális kihívásainak kezelésére. Különösen aktuálisá teszi a figyelem felkeltését, az eddig elért kutatási és innovációs eredmények széles körű megismertetését az, hogy a géntechnológiával szembeni vélemények, kormányzati lépések egyre jobban erodálják a molekuláris növénytudományok társadalmi presztízsét. Hazánkban a tudomány tényeit meghazudtoló kampányok és törvények a génnemesített növények igaztalan veszélyességét sulykolják az emberekbe, méghozzá a média segédletével. Történik mindez annak ellenére, hogy a géntechnológiával módosított növények (GMO-k) nélkülözhetetlen objektumai a nemzetközi mezőnyben is versenyképes kutatásnak, és a hasznos GM-változatok megállíthatatlanul felhasználásra kerülnek a növények nemesítése során.

Bár nehéz a jövő kutatási és innovációs irányzatait teljes biztonsággal előrevetíteni, abban biztosak lehetünk, hogy a géntechnológia, a sejt- és fejlődésbiológia, anyagcsere-élettan, a rendszerszemlélet, valamint az informatika kulcsszerepet kap a növényi élet titkainak megfejtésében. Az alábbiakban – a teljesség igénye nélkül – néhány meghatározó tudományos irányzat kiemelésével kívánjuk megerősíteni, hogy az új tudományos ismeretek nélkülözhetetlenek az élelmezési és környezeti problémák kezelésében és a növényeket nevelő gazda munkájának segítségével.

1. A növények biológiai teljesítőképességének felső határa felé: hatékonyabb fotoszintézis és jobb gyökérfunkció

Az emberiség jövőjét alapjaiban határozza meg, hogy képesek leszünk-e a fejlődés és a fenntarthatóság összhangjának megteremtésére. A jelen és jövő globális kihívásainak kezelésében számos, az agráriumot érintő elem van. A legéletbevágóbb feladat az, miként növelhető 70%-kal az élelmiszertermelés ahhoz, hogy 2050-ben majd legyen elég ennivaló kilencmilliárd ember számára. A növények mint az elsődleges szerves anyagot előállító szervezetek központi szerepet töltenek be az

élhető világ működésében. Ezért a növénytudományok egyik elsődleges mozgatója az, hogy újabb és újabb ismereteket szolgáltatson a termésbiztonság megőrzéséhez, illetve annak növeléséhez. Az emberi szükségleteket tekintve a termés mennyisége és minőségének paraméterei a legfontosabb bélyegek a fenotípus jellemzésében. Elsődlegesen ezeket értékeli a nemesítő akkor, amikor szelekciót végez. Mindezek a tulajdonságok lényegében a génnek összessége, a genom által irányított fejlődési program termékei. A környezeti tényezők az egyedfejlődés során határok közé szoríthatják a biológiai eseményeket, és ezzel befolyásolják a termés jellemzőit. Gondoljunk az időjárás hatásokra, de nagy szerepe van a gazda által használt agrotechnológia színvonalának is, hiszen annak segítségével mérsékelhetők a szélsőséges klímahatások, optimalizálhatók a növények nevelésének körülményei.

Termesztett növényeink biológiai teljesítő-képessége a becslések szerint megháromszorozható. Ezen törekvések sorában példaként említhető a mexikói CIMMYT (*International Maize and Wheat Improvement Center*) által kezdeményezett Búzatermés Konzorcium (*Wheat Yield Consortium*), amelynek célja, hogy 2030-ig a búza termőképességét 50%-kal növelje. Ennek egyik eszközeként a fotoszintézis hatékonyságát kívánják fokozni. Másik megközelítésként javítják a szerves anyag felhalmozódását a szemekben, mind optimális, mind kedvezőtlen környezeti feltételek mellett. A szárszilárdság fokozásával céljuk a megdőlés okozta veszteségek csökkentése. A Nobel-békedíjas Norman Borlaug munkásságához köthető *zöld forradalom* 41 százalékkal növelte a fejenkénti élelemtermelést 1960 és 2000 között, éppen a törpeségi gének felhasználása révén. Amikor erre az eredmény-

re hivatkozunk, megerősítést nyerhetünk abban, hogy a növénytudományok segítségével valóban lehetséges a növények produktójának fokozása.

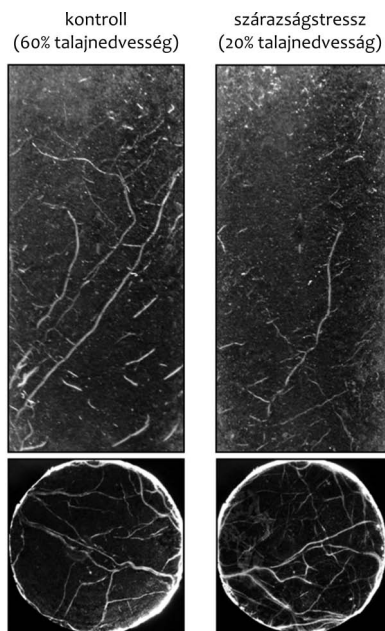
A növényekben két lényegesen eltérő enzimrendszer működik a CO₂ hasznosítása során. Az ún. *C₃ növényekben* a RUBISCO- (Ribulóz-1,5-bifoszfát-carboxiláz/-oxigenáz) enzim viszonylag kis hatékonysággal köti a CO₂-t, és a fotorespiráció 25%-os veszteséget okozhat a karboxilációval megkötött szén mennyiségében. Az ún. *C₄ növényekben* (kukorica, cirok, cukornád, császárfű) a foszfoenol-piruvát (PEP)-karboxiláz enzim hatékonyabban működik. Ha a fotoszintézis folyamatában felhasználható sugárzási spektrumot (400–700 nm) tekintjük, és a létrejött biomassza energiáját az elnyelt sugárzás energiájához viszonyítjuk, megállapítható, hogy a *C₃ növényekben* 9,4%, míg a *C₄ növényekben* 12,3% az elméletileg maximális energiahasznosítás. Ez a hatékonyságbeli különbség inspirálja azokat a törekvéseket, hogy a *C₄*-es funkciókat a *C₃*-as növényekbe építsék be. Mindez igen komplex beavatkozást követel mind az anatómiai, mind a biokémiai tulajdonságokat illetően, ami nem kivitelezhető génsebészeti beavatkozások nélkül (Gowik – Westhoff, 2011). Kezdeti lépésként a RUBISCO-funkciók javíthatóságát már igazolták a génbeépítési kísérletek. A RUBISCO-enzim működését egy aktiváz fehérje segíti, amely 30 °C felett veszít aktivitásából. Meghatározott aminosavak kicserélésével el lehetett érni a *RUBISCO-aktiváz hőstabilitását*, és a javított enzim génjét hordozó transzgenikus *Arabidopsis* növények 40°C-os hőstressz mellett is megőrizték a fotoszintetikus CO₂-fixáló képességüket (Kurek et al., 2007). Ezek a kutatások különös jelentőséggel bírnak a klímaváltozást kísérő felmelegedés, illetve a

szárazság kedvezőtlen hatásainak mérséklésében.

Termesztett növényeink teljesítményét jelentősen befolyásolja a gyökérrendszer működése. A *gyökér biológiájának* megismerése szükséges ahhoz, hogy olyan növényeket tudjunk kinemesíteni, amelyek jobban hasznosítják a talajban lévő vizet és tápanyagokat. Ezt még akkor is jó szem előtt tartani, ha nehezebb követni, mi játszódik le a talajban. Túl a tápanyagok és a víz felvételén, a gyökér szignálmolekulákat juttat a föld feletti szervekhez, és így szabályozza azok növekedését. A gyökértulajdonságok között – különösen száraz talajban – kiemelt fontosságú a gyökérrendszer össz tömege, a hajtás/gyökér arány, a gyökerek hossza, vastagsága, az elágazások vagy a gyökércsúcsok száma. A gyökérstruktúra sérülésmentes felvételezésére többféle fenotipizáló rendszert is kifejlesztettek. Így üveghengerben, átlátszó gélben növesztett gyökerekről készített digitális képek alapján mérhető, illetve modellezhető az egyes genotípusok gyökérzetének strukturális jegyei. Christopher N. Topp és munkatársai (2013) a rizsnövények gyökérfelépítését huszonöt tulajdonsággal jellemezték, és nyolcvankilenc olyan kromoszomaregiót (Quantitative Trait Loci QTL-et) tudtak azonosítani, amelyek meghatározó szerepet játszanak ezek kialakításában. A szárazság okozta változások követésére célszerű a növényeket talajban nevelni. Gyakran üveglapok közötti földrétegben kialakuló gyökerekről készítenek digitális képeket. Az 1. ábra plexihengerekben nevelt árpanövények gyökérképeit mutatja be öntözött és vízhiányos talajban. Az oldalnézetből készült felvételen a száraz talajban lényegesen kevesebb gyökereket láthatunk. Az alulnézeti képen kisebb a különbség, ami származhat abból, hogy száraz talajban a gyökérzet elsősorban lefelé nö-

vekszik. Ez egy fontos képesség a szárazságstressz túlélésében, hiszen így a növény hasznosítani tudja a mélyebb talajréteg maradvány nedvességét. A gyökerek hosszanti növekedése származhat a sejtek megnyúlásából vagy a sejtek osztódásából. A gyökércsúcsban elhelyezkedő őssejtek osztódásukkal biztosítják a gyökérrendszer kialakítását. Ezek a sejtek termelik meg azokat a differenciált, már nem osztódó sejteket, amelyek a megnyúlási zónát alakítják ki.

A *gyökér rendszerbiológiája* és a szabályozási hálózatok modellezése teljesen új perspektívát nyit a gyökérfejlődést irányító folyamatok feltárásában (Hill et al., 2013). A funkcionális és strukturális modellek új generációi modellezik a genetikai hálózatokat, az életteni folyamatokat, az egyes elemek közötti



1. ábra • Árpanövények gyökérrendszerének fenotipizálása oldal- és alulnézetből készített digitális felvételekkel (Cseri András kísérlete)

térbeli kölcsönhatásokat, és utat nyithatnak a *digitális növénymodelljének* megalkotásához. Az integrált genetikai és ökofiziológiai modellek már figyelembe veszik a környezeti tényezőket, például a talajok fizikai tulajdonságait, a víz, a tápanyagok hozzáférhetőségét vagy a kölcsönható gombákat, mikroorganizmusokat.

2. A hibridhatás molekuláris háttere

A növénynemesítés interdiszciplináris tudomány, sikeres szakma, hiszen folyamatosan tökéletesedő módszerei segítségével biztosítani képes a jobbnál jobb növényfajták megszületését. Talán az egyik leghatásosabb nemesítői megoldás a heterózis, a hibridhatás okozta termésnövekedés kihasználása. Gazdasági növényeink 65%-a hibrid genotípus, ami 10–50%-os termésnövekedést eredményezhet. A hibridkukoricákhoz köthető sikertörténeten túl a *kínai szuper hibridrizs* is már a szántóföldön bizonyította a heterózis-nemesítés jelentőségét. Kínában a hibridrizs-termesztésnek köszönhetően hat év alatt megkétszereződött a termés (3,5 t/ha helyett 6,2 t/ha). A kínai vetésterület 58%-án természetesen hibrid genotípusokat. A hibridfajták nemesítése számos növény esetében sikeres. Így az olajrepcés és a napraforgó-termesztésben vitán felüli a hibrid tenyésztés előnye. A zöltségek nemesítésében is hasznosítják a heterózis kedvező hatását, itt megemlíthetjük akár a paradicsomot vagy a spenótot. Külön figyelmet érdemel a *hibridbúza* kérdése, amit Magyarországon is több éven át kutattak, egyrészt Martonvásáron Rajki Erna, Császár Jenő és Barnabás Beáta, másrészt Szegeden Barabás Zoltán és Kertész Zoltán. Jelenleg kevesebb, mint 1% a hibridbúza részesedése, ami a megfelelő sterilitási rendszer hiányával magyarázható. A hímsterilitást elsősorban kémiai

úton érik el. Katja Kempe és munkatársai (2014) legújabb közleményükben beszámolnak olyan transzgenikus megoldásról, amelyben a barnáz gén kifejeztetésével biztosítható a hímsterilitás, ugyanakkor a hibridek termékenyülnek.

Az intenzív kutatás ellenére nem ismerjük azokat a genetikai és élettani folyamatokat, amelyek a keresztezést követően az F₁ növények tulajdonságait a beltenyészett szülőknél jobbá teszik. Ugyanakkor tény, hogy a géntechnológia, a genomika új megközelítéseket kínál a jelenség lényegének feltárásához, és ezzel a hibridnemesítési programok eredményességének növeléséhez. A szülői kukorica beltenyészett vonalak DNS-ének genomszintű megszekvenálása jelentős variabilitást tárt fel mind a gének, mind az ismétlődő, nem kódoló régiók nukleotidsorrendjében. Az ilyen allélvariánsok kimutatásán túl azonosítani lehetett döntő hatású kukorica kromoszómarégiókat (QTLs). Ezekben olyan főgének találhatóak, amelyek a termőképességet jelentősen befolyásolják. Könnyen belátható, hogy a heterózis igen komplex biológiai folyamat, amelyet akár több ezer gén is szabályoz. A jelenség megértését sokban segítik a génkifejeződési, DNS-chip vagy RNS-szekvenálási vizsgálatok. A hibridek nagyobb teljesítőképességéhez hozzájárulnak azok a gének, amelyek a szülői kifejeződési szintek átlagát vagy összegét mutatják (Thiemann et al., 2014). Az ilyen gének termékei között gyakran előfordulnak a szénhidrát- és energianyagcsere fehérjéi, illetve a stresszreakciókban szerepet játszó fehérjék. A génkifejeződési adatok egybeesnek azzal a tapasztalattal, hogy a hibridnövények jobb fotoszintézis-hatékonyssággal rendelkeznek. A kis RNS-molekulák szabályozhatják a hibridekben megjelenő génkifejeződési mintázatot és a hibridek

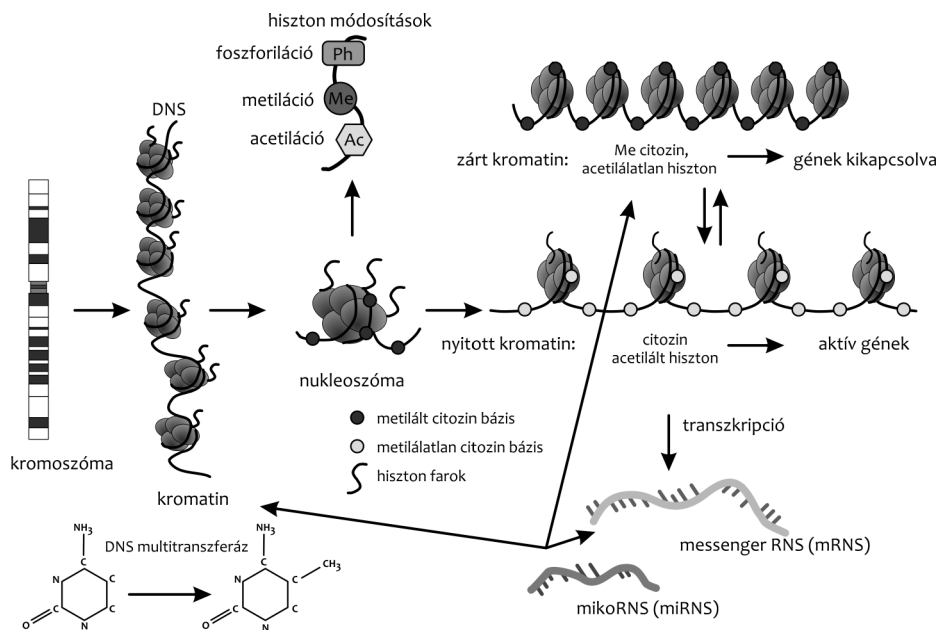
erőteljesebb növekedését. Éppen a gazdasági előnyök nagysága indokolja a kulcsgének megtalálása érdekében végzett intenzív kutatást. Előrelépésnek tekinthetjük a paradicsom *FW2.2*- és a kukorica sejtszámot szabályzó *CNR 1* génjeinek azonosítását. Az említett gének mutációja vagy elhallgattatása nagyobb gyümölcsök kifejlődését, illetve heterózist mutató fenotípust eredményezett (Guo et al., 2010). A jövőben fontos lesz a heterózis és poliploidia összefüggésének tanulmányozása is. A heterózishatás csak az F₁ generáció egyedein figyelhető meg, ezért a hibrid vetőmagot újra és újra elő kell állítani, amit a gazdáknak minden évben meg kell vásárolniuk. Tekintettel ennek költségeire, előrelépés lenne a pozitív tulajdonságok rögzítése az utódgenerációkban. A megtermékenyítés nélküli magképződés (*apomixis*), illetve a hibridek kromoszómakészletének megduplázása lehetőséget adhat a heterózishatás fixálására.

3. A szerzett tulajdonságok öröklődésének epigenetikus alapjai

A növények tulajdonságai a molekuláris történésektől kiindulva a sejtfunkciókon át a növekedési és fejlődési program megvalósulásáig a génműködés szabályozása révén alakulnak ki. A génkifejeződés paramétereiben alapjában a promóter DNS-szekvenciájától (cisz elemek) és az ahhoz kapcsolódó regulátor fehérjék (transzelemek) sajátosságaitól függenek. Ez a DNS-ben kódolt információ a mendeli szabályok szerint nemzedékeken keresztül garantálja a tulajdonságok, a génkifejeződési mintázat öröklődését. Ugyanakkor a környezeti tényezők sokféle jelátviteli folyamaton keresztül módosíthatják az aktív gének körét, és ezzel a genetikai program megvalósulását. A gének aktív és inaktív állapotát az epigenom folyamatai is meghatározhatják.

Az epigenetika azokkal a mitózis vagy meiózis során öröklődő génfunkciós változásokkal foglalkozik, amelyek nem a DNS nukleotid szekvenciájának meghatározottsága alatt állnak. Az *epigenetikus szabályozás* során a kromatin állapotát, és így a genom aktivitását egyrészt a DNS metiláltsága, másrészt a nukleoszómát alkotó hisztonfehérjék módosítása befolyásolhatja. A 2. ábra szemlélteti, hogy a metiltranszferáz enzim a citozin nukleotidok metilálása révén gátolja a gének kifejeződését, zárt kromatinstruktúra kialakításával. Az *epigenetikus hiszton-kód* a hisztonmolekulák módosításával (acetiláció, metiláció, foszforiláció) biztosítja mind a fejlődési, mind a külső környezeti szignálok szerinti génműködést. A hiszton acetil transzferáz (HAT) enzim aktivitása nyitott kromatin szerkezethez és a gének aktív állapotba kerüléséhez vezet. Epigenetikus bélyegek származhatnak a *nemkódoló RNS-molekulák* működése folytán. A kis RNS-molekulák aktiválhatják az RNS által irányított DNS-metilációt, ami olyan kromatinmódosító jel, amely öröklődhet. Fontos, hogy az epigenetikus géncsendesítés nemcsak a kódoló géneket érintheti, hanem a transzpozonokat és az ismétlődő DNS-szekvenciaszakaszokat is.

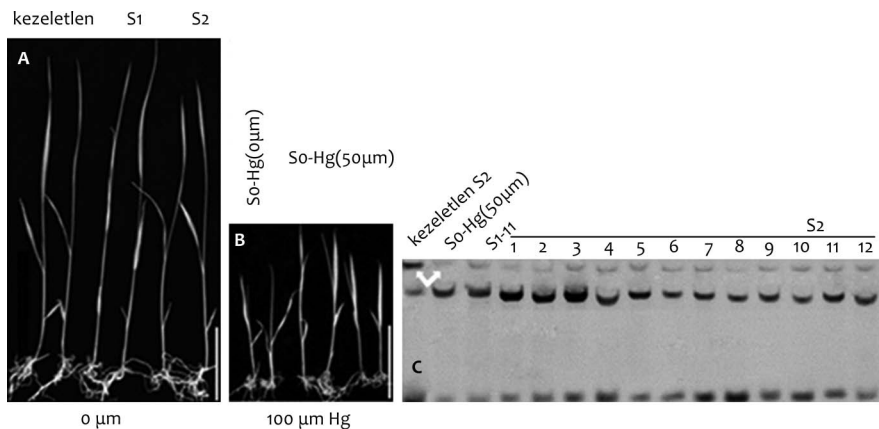
Az „*epiallélek*” olyan génvariánsok, amelyek kifejeződését azok epigenetikus állapota határozza meg. A tulajdonságok fenotípusában jelentkező változatosság az epiallélek variabilitásából származhat. Generációk során felhalmozódva ezek forrása lehet a spontán epi-mutáció, a transzpozon beépülés, illetve a kis RNS-molekulák működése. A stresszhatásokra kialakuló *epigenetikus stresszmemória* a stresszgének kifejeződésének szabályozásával egyrészt segítheti a növényeket egy újabb stresszhatáshoz történő sikeres alkalmazkodásban, másrészt a kialakult epigenetikus



2. ábra • Az epigenetikus bélyegek szabályozhatják a kromatin nyitott és zárt strukturáját, és ezzel a gének aktív és inaktív állapotát. Elsődlegesen a DNS citozinbázisainak metiláltsága, továbbá a hisztonfehérjék acetiláltsága alakítja az epigenetikus állapotot, amely a mitotikus, illetve meiotikus sejtek osztódása során fennmaradhat, és így nemzedékeken keresztül öröklődhet. (Gómez-Díaz et al., 2012 nyomán)

állapot átöröklődhet az utódgenerációk egyedeire is. Az ilyen szerzett képességek öröklődésére több példát találunk a növényvilágban (összefoglaló tanulmány: Hauser et al., 2011). Így említhető a higany mint nehézfém okozta DNS-metiláció csökkenésének öröklődése és az epigenetikus rezisztencia megjelenése az utódnövényeken (Ou et al., 2012). A 3. ábrán jól látható, hogy azok az első és második generációs rizsnövények, amelyek higanykezelt növények utódai, rezisztensebbek a 100 μM higanykloriddal szemben, mint a kezeletlen S_0 generáció növényeinek utódai. Ezzel összhangban a DNS alulmetiláltsága is kimutatható, amit a felső hibridizációs csík hiánya jelez mind a három (S_0 , S_1 , S_2) generációban.

A változatos környezeti hatások, a hibridizáció vagy akár a poliploidizáció is hozhat létre új epigenetikus bélyegeket. A biotikus vagy az abiotikus stresszhatások következtében kialakuló epiallélek az alkalmazkodóképesség javulását eredményezhetik mind a természetes növénytársulásokban, mind a nemesítési anyagokban. A különböző ökológiai környezetekhez történő alkalmazkodás képessége lehetőséget adhat új élőhelyek elfoglalására és mikroevolúcióra. Nemesítési szempontból figyelmet érdemel, hogy az éjszakák és nappalok periodikus változását irányító *cirkadiális óra* genetikai szabályozásában az epigenetikus folyamatok meghatározó szerepet játszanak, és ezzel az *epigenom* a heterózis-



3. ábra • A nemzedékeken át öröklődő stresszmemória: A: kontroll: HgCl_2 -kezelés nélküli növények. B: az $50 \mu\text{M}$ HgCl_2 -kezelésből származó S_0 növények utódai (S_1 , S_2) kevésbé érzékenyek a nehézfém-gátlással szemben. C: az S_0 generáció növényeiben az $50 \mu\text{M}$ HgCl_2 -kezelés csökkentette a DNS metilációját, amit a felső hibridizáló csík csökkenése jelez. Ez az állapot az utódnövények (S_1 , S_2) esetében is megmaradt (Ou et al., 2012).

hatás kialakulásában is kulcstényező (Chen, 2013). Az epigenetikus folyamatok három fő típusa egyaránt részt vesz a heterózishatás kialakításában.

A legújabb kutatási eredmények egyre több tényre és érdekességre mutatnak rá a szerzett tulajdonságok öröklődését biztosító molekuláris folyamatokkal kapcsolatban. Az epigenetika megerősíti a lamarcki koncepció létjogosultságát, és tudományos alapot szolgáltat az *epivariáció* öröklődésének mikéntjéről, amit nem a gének DNS-szekvenciája kódol. A szerzett tulajdonságok öröklődésének problematikájával kapcsolatban nem kerülhetjük meg az Ivan Vlagyimirovics Micsurin és Trofim Gyenyiszovics Lisenko nevéhez köthető ideológia okozta károkat. Mélyen elítélendő, hogy a valamikori szovjet blokk országokban a politikai hatalom beleavatkozott a tudományos vitákba (akárcsak napjainkban a GMO-ügy kapcsán), és Lisenko, illetve követői nézeteit hivatalos állami állás-

pontként, ha kellett, hatalmi eszközökkel kényszerítette elfogadásra. Lisenko a gének tagadása mellett a búzák tavaszi, illetve őszi jellegének hidegkezelésekkel történő örökletes megváltoztatását kívánta tanainak igazolására felhasználni. Az őszi búzák kalászolásához hat-tízhetes hideg periódusra ($0-8^\circ\text{C}$), jarovizációra van szükség. Lisenko a *Kooperatorka* őszi búzát alakította át tavaszivá, így ezek a növények a kalászolásukhoz nem igényeltek alacsony hőmérsékletet (Bálint, 1964). A tavaszi formák őszesítésére Rajki Sándor vezetésével az MTA Mezőgazdasági Kutató Intézetében, Martonvásáron végeztek kísérleteket (Rajki, 1985). Beszámoltak a Lutescens 62 tavaszi búza őszivé válásáról, miután három évben ősszel vetették el az egyes növények utódvonalait. Ezeket a kísérleteket erősen kritizálták. Ennek ellenére Rajki Sándor kitartott a szerzett tulajdonságok öröklődését igazoló kísérleteinek eredményei mellett. Az akkori kutatásokhoz kapcsolódó viták szem-

pontjai nyilván ma már nem tisztázhatók, de az tény, hogy a legújabb molekuláris eredmények és módszerek, valamint az epigenetikai ismereteink birtokában szükség lenne precíz kísérletekkel újra elemezni az akkori állításokat, még úgy is, ha világosan láthatóak a korábbi megközelítések korlátai. A búzában található jarovizációs és hidegtűrési gének közül a *VRN1*-gén vernalizáció nélkül alacsony kifejeződést mutat, de hidegkezelés hatására aktiválódik, kikapcsolja a virágzást gátló *VRN2*-gént, és ezzel lehetővé válik a virágzást elindító *FT* (*VRN3*) működése. A vernalizációhoz kapcsolható epigenetikus memória a gabonafélékben a hiszton H₃-héjében a lizin aminosav metilációjával, és ezen keresztül a *VRN1*-gén aktív kromatin-szerkezetének biztosításával szabályozott (összefoglaló: Achrem et al., 2012). A hidegkezeléssel végzett vernalizáció továbbá a DNS metilcsoportjainak elvesztését okozhatja, ami szintén a virágzás indukciójához vezethet (Sherman – Talbert, 2002). Mindezek alapján igazoltnak kell tekintenünk, hogy a vernalizáció epigenetikus variációt hoz létre, aminek öröklődése feltételezhető, de nem történt meg a molekuláris adatok összekapcsolása az ősztavaszi átmenettel (Li – Liu, 2010). Elgondolkodtató, hogy a Gregor Mendel–Thomas Hunt Morgan és a Micsurin–Liszenko által képviselt genetikai irányzatok vitájában miért éppen a jarovizációhoz köthető ősziestést használták a szerzett tulajdonságok öröklődésének igazolására, azt a tulajdonságot, amelyről sok évtized után beigazolódott, hogy epigenetikus szabályozás alatt áll.

4. Az energianövények nemesítése a kromoszómakészletük megsokszorozásával

Földünk energiaháztartásának központi szereplői a fotoszintetizáló növények, hiszen a

Nap energiájának hasznosítása révén ezek a szervezetek a légköri CO₂-gázt kémiai energiává alakítják, és ebből állítanak elő elsődleges, megújuló szerves anyagokat. Már napjainkban is tanúi lehetünk a megújuló biomassza alapú energiaforrások felértékelődésének, ami számos biológiai és műszaki probléma megoldását teszi szükségessé. Az Európai Unió huszonhét országában a biomasszából nyert energia évenkénti felhasználása 2020-ra több mint két és félszeresére (10 EJ) nő a 2005. évi értékhez (3,8 EJ) képest. A bioenergia-ipar számára nyersanyagként az erdészeti fakitermelés, az energianövények termesztése és a mezőgazdasági és kommunális hulladékok szolgálnak. Az energetikai faültetvények sorában a *rövid vágásfordulójú energianövények* jelentőségét mutatja, hogy a jelenlegi 1%-os részesedésüket az energianövények között 2020-ra 17%-ra kívánják növelni az European Environment Agency (*Európai Környezetvédelmi Ügynökség*) 2013. évi adatai szerint. Magyarországon ennek a művelési módnak a fehér akác (*Robinia pseudoacacia* L.), a nyár (*Populus* sp.), valamint a fűz (*Salix* sp.) felel meg elsősorban (Gyurica, 2010). Mint minden gazdasági növényünk esetében, a fajok biológiai teljesítőképességének maximalálásában is szerepet játszik a termőhelynek megfelelő faj megválasztása, a növénynevelés technológiájának optimalizálása, illetve a használt fajták tulajdonságainak nemesítéssel történő folyamatos javítása. Tekintettel az erdészeti genetika nyújtotta elméleti alapokra, amikor a fenotípusos bélyegek, elsősorban a biomassza hozama alapján klónselektiót végeznek, akkor az energiafák nemesítésében a természetes populációk genetikai variabilitását hasznosítják (Karp et al., 2011). A fajon belüli és a fajok közötti hibridizáció széles körűen használt eljárás a fajok közötti előállításban.

A kromoszómákon térképezett *DNS-szekvenciamarkerek* segítségével meghatározhatók azok a kromoszómaregiók (QTLs), amelyek kitüntetett szerepet játszanak egyes növényi tulajdonságok meghatározásában, és amelyek segítségével növelhető a szelekció eredményessége. A *Salicaceae* családhoz tartozó két energianövény, a nyár (*Populus*) és a fűz (*Salix*) részletes felbontású genetikai térképének összehasonlítása nagyfokú egyezést tárt fel. A nyár (*Populus trichocarpa*) genomjának szekvenálását követően, 2006 óta, a genetikai és genomikai ismeretanyag új korszakot nyitott a fás növények biológiájában, és ezáltal az erdészeti tudományokban (Wullschleger et al., 2014). Ez a tudományos eredmény sokban segítette olyan gének azonosítását, amelyek fontos morfológiai és élettani tulajdonságok kialakulását irányítják. Az új ismeretek birtokában nincs abban kivetnivaló, hogy az előnyt biztosító géneket a géntechnológia eszközeivel visszaépítik a nyár genomjába. Példaként említhető az a *génmésített nyár*, amelyben a lignintartalmat csökkentették, és ezzel megnőtt az ilyen fából nyerhető alkohol mennyisége (Van Acker et al., 2014). Bárminnyire fontosak az ilyen géntechnológiai fejlesztések, a GMO-ellenesség közepette előtérbe kerülnek az alternatív technológiák. Így tanúi lehetünk a kromoszómakészlet megsokszorozásával, az indukált *autopoliploidizációval* történő genomformálás reneszánszának. Ez a genetikai módszer különösen a vegetatív úton szaporított energianövények nemesítésében nyerhet jelentőséget.

A fajra jellemző diploid ($2n$) kromoszómaszám stabilan öröklődik, csak sejtosztódási rendellenességek folytán sokszorozódhat meg a kromoszóma-állomány, és jöhet létre autopoliploid növény. A DNS-molekulák szintézisét követően szerveződnek meg a

nukleoszómák (2. ábra), majd az azokból kialakuló kromatin kondenzációjával a kromoszómák. Az anyasejt osztódásakor, a mitózis anafázisában kialakuló *mikrotubulusok* biztosítják a megduplázódott kromoszómagarnitúra szétválását a leánysejtekben. Ha gátló vegyületek, például kolchicin hatására sérülést szenved a mikrotubulusok funkciója, akkor nem történik meg a kromoszómák szétválása, és megkétszereződött ($4n$) kromoszómaszámú sejtek alakulhatnak ki. Ez a folyamat lejátszódhat a merisztémák testi sejtjeiben is, ahol a $4n$ méretű genommal rendelkező sejtekből új, *tetraploid hajtások*, növények fejlődhetnek ki. A zavar megtörténhet az ivarsejtek képződése során azzal, hogy elmarad a számcsökkenítő, meiotikus osztódás, és a $2n$ kromoszómakészletet hordozó ivarsejtek vesznek részt a megtermékenyítésben, amiből szintén tetraploid ($4n$) egyedek származhatnak.

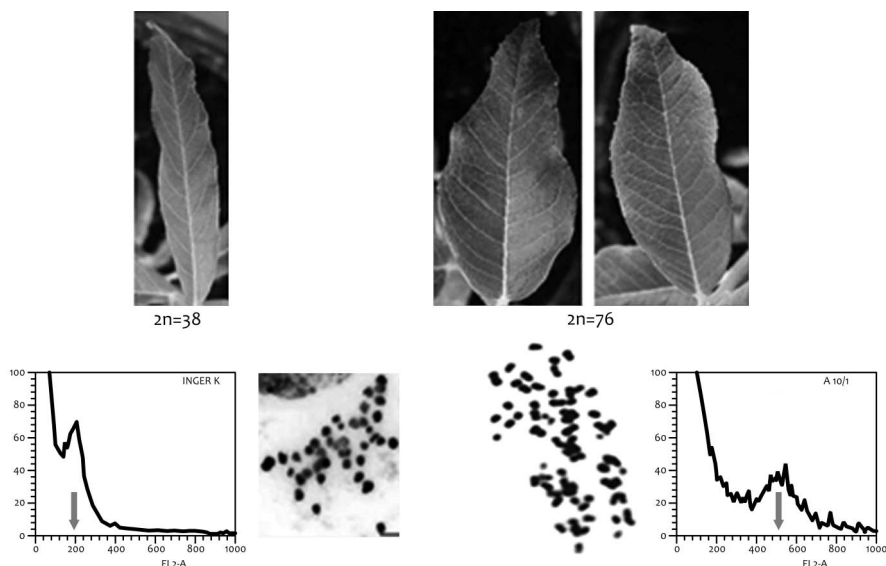
A természetben előforduló poliploid növények meglepő tulajdonságaira Herman Nilsson-Ehle hívta fel a figyelmet 1936-ban, amikor egy *óriás triploid rezgőnyárt* (*Populus tremula*) talált. A poliploidia gyakori a természetes növénytársulásokban, és szerepet játszik az alkalmazkodásban. A zárvatermő növények 50–70%-a, többek között számos termesztett faj is megsokszorozódott genommal rendelkezik. A mesterséges autopoliploidizáció mint nemesítési módszer régi és sikeres múltal rendelkezik. Albert Francis Blakeslee és Amos Geer Avery 1937-ben megjelent közleményével gyakorlatilag egy időben számolt be a tihanyi Biológiai Kutatóintézetből Györfly Barna a kolchicin kezeléssel előállított poliplod növényekről, például a tetraploid paprikáról (1938). Györfly Barna aktív szerepet vállalt a *poliploid cukorrépák* előállításában Sopronhorpácson, ahol Sedlmayr Kurt

vezetésével igen sikeres nemesítési programot valósítottak meg. Ennek során a legjobb fajtáknak a diploid \times tetraploid keresztezéssel előállított *triploidok* bizonyultak. Ez a megközelítés eredményes az alma, a körte vagy akár a dinnye nemesítésében.

Az erdészeti fajok nemesítésében is előnyvel hasznosíthatók a megnövekedett kromoszómaszámmal rendelkező genotípusok, amelyek megtalálhatók a természetes populációkban, illetve mesterségesen is előállíthatók. A rövid vágásfordulóval termesztett energia-cserjék nemesítésében is előtérbe került a poliploidizáció, tekintettel a kedvező tulajdonságok kialakításának lehetőségére. *Tetraploid nyár* növényeket sikeresen állítottak elő *in vitro* tenyészetekben úgy, hogy levelekből regeneráltak hajtásokat, és azokat kolchicinnel kezelték (Cai – Kang, 2011). Másik megközelítésként a csíranövények kolchicin-

kezelése is sikeres volt a *tetraploid akác* előállítására (Harbard et al., 2012). *Az autotetraploid energiafűz* változatok, amelyeket az *in vitro* szaporított növények hónaljtrügyeinek kolchicinizálásával sikerült előállítani, szintén több figyelemre méltó tulajdonsággal rendelkeznek a diploid növényekkel való összehasonlításban. A 4. ábrán látható, hogy a megduplázott DNS-állománnyal, illetve $2n=76$ kromoszómával rendelkező tetraploid energiafűz levelei szélesebbek és nagyobbak, mint a diploid változaté (Dudits et al., nem közölt).

A mesterséges autotetraploid energiafűz növények jellemzése nagyobb méretű légzőnyílásokat, *megnövekedett CO₂-megkötést*, illetve hatékonyabb fotoszintézist mutatott ki. Külön jelentősége van annak, hogy ezek a növények jobban tudnak alkalmazkodni a szélsőséges környezethez. Ismert a tetraploid akác-növények *sótűrése*. Ami a poliploid fajok



4. ábra • A mesterségesen előállított autotetraploid energiafűz növényekben megduplázódott az áramlásos citometriával kimutatható DNS-tartalom és a kromoszómák száma ($2n=76$). Ezek a növények nagyobb, szélesebb levelekkel rendelkeznek (Dudits et al., nem közölt).

növekedési intenzitását illeti, fajonként, genotípusonként különböző adatokat találunk. Így az előállított só-stressztoleráns akác esetében nem találtak különbséget a diploid és tetraploid növények hajtásnövekedésében. Ezzel szemben a PolygenomeX ausztrál biotechnológiai cég olyan *tetraploid császárfát* (*Paulownia tomentosa*) állított elő, amely lényegesen gyorsabban növekedett, és nagyobb fahozamot mutatott. Külön érdekességük ezeknek a növényeknek, hogy kromoszómakészletüket titokban tartott epigenetikai módszerrel sokszorozták meg (URL1). A nyírfa (*Betula platyphylla*) tetraploid–diploid összehasonlításakor az RNS-szekvenálással végzett génkifejeződési vizsgálat több ezer gén esetében tárt fel eltérést. Az auxin- és etilénszintezist, illetve a jelátviteli utakat befolyásoló géneknél lehetett a fenotípusos változásokat összekötni a génkifejeződési paraméterekkel (Mu et al. 2013). Az autoploiploid energianövények eddig megismert kedvező tulajdonságai elég alapot nyújtanak a kutatás kiszélesítéséhez, és megalapozzák az üzemi értékeléseket.

5. *Feltárulnak a növények életének titkai, hogy elég élelmiszer, energia és élhető környezet lehessen*

A növényekkel kísérletező kutatót igen gyakran a megismerés szenvedélye hajtja, amikor meg akar érteni egy-egy biológiai folyamatot, a növények viselkedését. Valóban számos izgalmas esemény történik a csírázástól a vegetatív szervek növekedésén át az ivarszervek kialakulásáig, a megtermékenyítésig, amivel egy új életciklus veszi kezdetét. A növénytudomány sem kivétel abban, hogy a felfedezés élményén túl ismereteinket sokban bővítik azok az eredmények, amelyek célorientált ipari fejlesztések során születnek. Összességé-

ben lenyűgöző az a hatalmas előrehaladás, amelynek a legutóbbi évtizedekben tanúi lehettünk. Ebben nagy része van a géntechnológiának, majd a genomikának és a különböző „-omikáknak”. Természetesen a technológiai háttér is lényegesen korszerűsödött. Mind több növény esetében tárult fel a DNS-szekvenciában kódolt genetikai információ, mutánsgyűjtemények és transzgenikus (GM) növények segítik a génfunkciók megismerését. Teljesült az elvárás, a növényeknél is lehetséges a génspecifikus mutáció vagy génbeépítés megvalósítása. A részletes kromoszómaterképek alapján azonosíthatók a genetikai szabályozás funkcionális egységei, javítható a szelekciós munka eredményessége a nemesítésben. A genomika rohamos fejlődése szükségessé tette a fenomikai fejlesztéseket (Dudits, 2012). Hatalmas kísérleti adatbázisok használhatók a növényi funkciók modellezéséhez. Mint komplex rendszereket kezelhetjük a fejlődési programot, a szervek növekedésének, differenciálódásának szabályozását vagy akár a környezeti tényezőkhöz történő alkalmazkodást. Feltárulnak azok a szignálátviteli utak, amelyek a kórokozókkal, kártevőkkel szembeni védelmet biztosítják. Az ökológiai szemléletet is átformálják a molekuláris biológia eredményei.

Nem túlzás a növénytudományok virágkoráról beszélni, ami természetesen a nemesítés sikereiben, az egészséget védő és javító élelmiszerek kifejlesztésében, a megújuló zöldenergia térnyerésében is megjelenik. Az optimista képet beárnyékolja az a tény, hogy a növénytudományokat milyen súlyosan korlátozza a géntechnológia-ellenesség. Győzelmet üli a tudománytalan propaganda, ami hathatós politikai támogatással bír mind a törvényalkotásban, mind a médiában. Az embereket folyamatosan a tényeket megha-

zudtoló nézetekkel bombázzák, és így sikerül az egész társadalmat megtéveszteni. Európa vesztésre áll ebben a technológiai versenyben, de különösen súlyos a helyzet Magyarországon, ahol a géntechnológiai tevékenység könnyen minősíthető akár börtönnel járó bűncselekményként. Így nem meglepő, hogy csökken a fiatal kutatói generáció bizalma, érdeklődése a növénytudományok iránt. Mindez sokban veszélyezteti a magyar növénytudományok korábbi nemzetközi hírnevének jövőjét. Csak abban bízhatunk, hogy

a világtendenciák és jól felfogott gazdasági érdekeink ki fogják kényszeríteni a mostani elhibázott politika feladását, hogy a magyar kutatói közösség is hatékonyan hozzájárulhasson a biológiai és a mezőgazdasági tudományok fontos kutatási és fejlesztési eredményeihez.

Kulcsszavak: *fotoszintézis, gyökérfejlődés, heterózis, kromatínstruktúra, zöld energia, rövid vágásfordulójú cserjék, autoploidizáció, géntechnológia, génmésített növények*

IRODALOM

- Achrem, Magdalena – Skuza, L. – Kalinka, A. et al. (2012): Role of Epigenetic Mechanisms in Plant Response to Low Temperature. *Acta Botanica Cracoviensia Series Botanica*. 54, 1, 7–15. DOI: 10.2478/110182-012-0014-y • <http://www.degruyter.com/view/j/abscb.2012.54.issue-1/110182-012-0014-y/110182-012-0014-y.xml>
- Bálint Andor (1964): *Az öröklődés és származástan alapjai*. Mezőgazdasági, Budapest
- Cai, Xiao – Kang, Xiang-Yang (2011): In vitro Tetraploid Induction from Leaf Explants of *Populus pseudo-simonii* Kitag. *Plant Cell Reports*. 30, 1771–1778. DOI: 10.1007/s00299-011-1085-z • https://www.researchgate.net/publication/51487367_In_vitro_tetraploid_induction_from_leaf_explants_of_Populus_pseudo-simonii_Kitag
- Chen, Z. Jeffrey (2013): Genomic and Epigenetic Insights into the Molecular Bases of Heterosis. *Nature Reviews Genetics*. 14, 471–482. DOI:10.1038/nrg3503
- Dudits Dénes (2012): Genomikát és fenomikát integráló növénynemesítés a termékbiztonságért. *Magyar Tudomány*. 8, 913–922. • <http://www.matud.iif.hu/2012/08/05.htm>
- Gómez-Díaz, Elena – Jordá, M. – Peinado, M. A. et al. (2012): Epigenetics of Host–Pathogen Interactions: The Road Ahead and the Road Behind. *PLOS Pathogens*. 8, 11, e1003007. DOI:10.1371/journal.ppat.1003007 • <http://www.plospathogens.org/article/fetchObject.action?uri=info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.ppat.1003007&representation=PDF>
- Gowik, Udo – Westhoff, Peter (2011): The Path from C₃ to C₄ Photosynthesis. *Plant Physiology*. 155, 56–63. DOI: 10.1104/pp.110.165308 • <http://www.plantphysiol.org/content/155/1/56.full.pdf+html>
- Guo, Mei – Rupe, M. A. – Dieter, J. A. et al. (2010): Cell Number Regulator Affects Plant and Organ Size in Maize: Implications for Crop Yield Enhancement and Heterosis. *Plant Cell*. 22, 1057–1073. DOI: 10.1105/tpc.109.073676 • <http://www.plantcell.org/content/22/4/1057.full.pdf+html>
- Györfly Barna (1938): Durch Kolchizinbehandlung erzeugte polyploide Pflanzen. *Die Naturwissenschaften*. 26, 33, 547. DOI: 10.1007/BF01675501
- Gyurica Csaba (2010): Energetikai fájltervény létesítésére alkalmas fajok és fajták (1.). *Agroforum*. 9, 64–76. • http://www.farmit.hu/sites/default/files/Gyuricza_Cs_2010szsept.pdf
- Harbard, Jane L. – Griffin, A. R. – Foster, S. et al. (2012): Production of Colchicine-induced Autotetraploids as a Basis for Sterility Breeding in *Acacia mangium*. Willd. *Forestry*. DOI:10.1093/forestry/cps041 • <http://forestry.oxfordjournals.org/content/85/3/427.full.pdf+html>
- Hauser, Marie-Theres – Aufsatz, W. – Jonak, C. et al. (2011): Transgenerational Epigenetic Inheritance in Plants. *Biochimica et Biophysica Acta*. 1809, 8, 459–68. DOI: 10.1016/j.bbagr.2011.03.007
- Hill, Kristine – Porco, S. – Lobet, G. et al. (2013): Root Systems Biology: Integrative Modeling across Scales, from Gene Regulatory Networks to the Rhizosphere. *Plant Physiology*. 163, 1487–1503. DOI: 10.1104/pp.113.227215 • <http://www.plantphysiol.org/content/163/4/1487.full.pdf+html>
- Karp, Angela – Hanley, S. J. – Trybush, S. O. et al. (2011): Genetic Improvement of Willow for Bioenergy and Biofuels. *Journal of Integrative Plant*

- Biology*. 53, 2, 151–165. DOI: 10.1111/j.1744-7909.2010.01015.x • <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1744-7909.2010.01015.x/pdf>
- Kempe, Katja – Rubtsova, M. – Gils, M. (2014): Split-gene System for Hybrid Wheat Seed Production. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 111, 25, 9097–9102. DOI: 10.1073/pnas.1402836111
- Kurek, Itzhak – Chang, T. K. – Bertain, S. M. et al. (2007): Enhanced Thermostability of Arabidopsis Rubisco Activase Improves Photosynthesis and Growth Rates under Moderate Heat Stress. *Plant Cell*. 19, 3230–3241. DOI: 10.1105/tpc.107.054171 • <http://www.plantcell.org/content/19/10/3230.long>
- Li, Xiuju – Liu, Yongsheng (2010): The Conversion of Spring Wheat into Winter Wheat and Vice Versa: False Claim Or Lamarckian Inheritance. *Journal of Biosciences*. 35, 2, 321–325. DOI 10.1007/s12038-010-0035-1 • <http://www.ias.ac.in/jbiosci/jun2010/321.pdf>
- Mu, Huai-Zhi – Liu, Z-J. – Lin L. et al. (2013): Transcriptomic Analysis of Phenotypic Changes in Birch (*Betula platyphylla*) Autotetraploids. *International Journal of Molecular Sciences*. 14, 20299–20325. DOI: 10.3390/ijms131013012 • <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3497309/>
- Ou, Xiufang – Zhang, Y. – Xu, C. et al. (2012): Transgenerational Inheritance of Modified DNA Methylation Patterns and Enhanced Tolerance Induced by Heavy Metal Stress in Rice (*Oryza sativa* L.). *PLOS One*. 7, 9, e41143. DOI: 10.1371/journal.pone.0041143 • [http://www.plosone.org/article/ fetchObject.action?uri=info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0041143&representation=PDF](http://www.plosone.org/article/fetchObject.action?uri=info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0041143&representation=PDF)
- Rajki Sándor (1985): Autummnisation. *Acta Agronomica Academiae Scientiarum Hungaricae*. 34, 3–4, 275–373.
- Sherman, Jamie D. – Talbert, Luther E. (2002): Vernalization-induced Changes of the DNA Methylation Pattern in Winter Wheat. *Genome*. 45, 2, 253–260. DOI: 10.1139/g01-147
- Thiemann, Alexander – Fu, J. – Seifert, F. et al. (2014): Genome-wide Meta-analysis of Maize Heterosis Reveals the Potential Role of Additive Gene Expression at Pericentromeric Loci. *Bio Med Central (BMC) Plant Biology*. 14, 88. DOI: 10.1186/1471-2229-14-88 • <http://www.biomedcentral.com/1471-2229/14/88>
- Topp, Christopher N. – Iyer-Pascuzzi, A. – Anderson, J. T. et al. (2013): 3D Phenotyping and Quantitative Trait Locus Mapping Identify Core Regions of the Rice Genome Controlling Root Architecture. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 110, 18, E1695–E1704. DOI: 10.1073/pnas.1304354110 • <http://www.pnas.org/content/110/18/E1695.full>
- Van Acker, Rebecca – Leplé, J.-C. – Aerts, D. et al. (2014): Improved Saccharification and Ethanol Yield from Field-grown Transgenic Poplar Deficient in Cinnamoyl-CoA Reductase. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 111, 2, 845–850. DOI: 10.1073/pnas.1321673111 • <http://www.pnas.org/content/111/2/845.full>
- Wullschleger, Stan D. – Weston, D. J. – Difazio, S. P. et al. (2014): Revisiting the Sequencing of the First Tree Genome: *Populus trichocarpa*. *Tree Physiology*. 33, 357–364. DOI: 10.1093/treephys/tps081 • [http:// treephys.oxfordjournals.org/content/33/4/357.full.pdf+html](http://treephys.oxfordjournals.org/content/33/4/357.full.pdf+html)
- URL: www.polygenomx.com

