

Országosan egyedülálló genomikai eredmény a DE kutatóitól

Rekonstruálták egy, az országban korábban kipusztultnak hitt, kertészeti jelentőséggel bíró vadon élő növényfaj, a csipkés gyöngyvessző genomját a Debreceni Egyetem kutatói. Az erről szóló publikáció a tekintélyes Nature lapcsalád szakfolyóiratában, a Scientific Data-ban jelent meg. A minta begyűjtésétől, a DNS kivonásán át az adatok generálásáig, majd a bioinformatikai analízisig mindent a DE berkein belül készítették el.

2020-ban vágott bele a Debreceni Egyetem kutatócsapata abba a munkába, amelynek a végeredményéhez hasonló eddig még soha senki nem produkált hazánkban. Az első, Magyarországon összeszerelt nem-modell növényfaj genomjának (teljes bázissorrendjének) rekonstruálása és leírása egyedülálló a maga nemében.

- A növény genomjának jellemzését végeztük el, ami azért fontos, mert az élőlények DNS-e nagyon sok titkot elárul a gazdájukról, minden korábbi módszernél jobban meg tudjuk ítélni a tanulmányozott faj környezeti igényeit, rokonsági kapcsolatait és hogy mekkora genetikai tartalékkal rendelkezik. Különböző genomszekvenálási stratégiákat ötvözve igen magas színvonalon tudtuk elvégezni a munkát, így sokkal pontosabb képet alkothattunk a faj teljes genetikai állományáról – mutatott rá *Laczkó Levente*, aki még a Debreceni Egyetem Természettudományi és Technológiai Karán (DE TTK) működő, kiváló minősítéssel elismert MTA-DE Lendület Evolúciós Genomikai Kutatócsoport tagjaként vállalt oroszlánrészt a genom karakterizációjában.

Hozzátette: a világ számára mindez azért fontos, mert egyre inkább felismerjük, hogy mi is részei vagyunk ugyanannak az ökoszisztémának, amelyben a minket körülvevő élőlényekkel élünk, ezért is szeretnénk azt részletesen megismerni, hogy milyen az élőlények állapota az adott környezetben, ami a mi jóllétünket is befolyásolhatja.

A jelenleg a DE Egészségtudományi Kar Egy Egészség Intézet tudományos munkatársaként dolgozó szakember szerint az, hogy minden folyamatot a Debreceni Egyetemen végeztek el, azt mutatja, hogy az évek során olyan tudás és tapasztalat birtokába kerültek, amelyre lehet és érdemes is építeni.

- A minta begyűjtésétől a DNS kivonásán át, az adatok generálásáig, majd a bioinformatikai analízisig mindent házon belül csináltunk. Egyik folyamat során sem kellett igénybe vennünk egy gyakorlott külföldi szakember segítségét, ami arra utal, hogy Debrecenben képesek lehetünk betölteni azt az űrt, amely hazánkban nem-modell szervezetek genom összeszerelésének tekintetében megfigyelhető: nagyon kevesen értenek ahhoz, miként is kell a nulláról összerakni egy genomot. A legtöbb állathoz képest a növények kifejezetten nagy kihívást jelentenek ebben a tekintetben. Magyarországon jelenleg még nincs meg az a szakembergárda, amely ezt magabiztosan meg tudná csinálni, ám egyetemünk úttörő lehet ezen a téren – kapcsolódott rá a gondolatmenetre *Sramkó Gábor*, a DE TTK Biológiai és Ökológia Intézet Növénytani Tanszék adjunktusa, az Evolúciós Genomikai Kutatócsoport irányítója.

Érdekesség, hogy szintén a Debreceni Egyetemen, az Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszéken rakták össze elsőként hazánkban egy nem-modell állatfaj, a nagyfejű csajkó genomját.

Sramkó Gábor elmondta: a vizsgált élőlénynek a növényvilágon belül viszonylag kicsi genomja van, 200 millió bázispár, ettől függetlenül a genom összeszerelése kifejezetten bonyolult folyamat.

- Egy nem-modell növényfaj esetében sokkal több adatgenerálásra és az adott fajra szabott

elemzésekre van szükség, szemben az úgynevezett modell szervezetekkel, amelyek esetében valakik már összeszerelték a genomot. A vizsgált növényünk 200 millió bázispárját is le kellett olvasni pár százszor ahhoz, hogy legyen egy jól összerakható „történet”. A vizsgálati folyamatot ahhoz lehetne hasonlítani, mintha megkapnánk egy 200 millió betűből álló regényt, melyből csak darabkákat olvashatnánk el, és azokból kell kikövetkeztetni, miként jönnek egymás után az események, fejezetek. A darabkák lehetnek kisebbek, nagyobbak, de az egészhez képest még a legnagyobb darab is kicsinek számít, ráadásul akadnak olyan oldalak is a regényben, amelyekben csak ismétlődések vannak. Tehát elég bonyolult a feladat, de – ahogy a példa is mutatja – nem megoldhatatlan – részletezte a TTK kutatója.

Sramkó Gábor a tervekről is beszámolt.

- A kutatócsoportunk előtt közvetlenül álló feladat egy hasonlóan kis genomméretű rovarfaj, a veszélyeztetett, bennszülött magyar futrinka genomjának összeszerelése, aminek már eleve megvannak a jó minőségű részeredményei. A következő kihívás egy nagyobb genom lesz: szeretnénk a kerecsensólyom altáji alakjára, a legendák turuljára is kiterjeszteni a genom összeszerelést. Sőt, bírálat alatt van egy újabb Lendület-pályázatomban, amelyben nem csak egy növényfaj, hanem egy közelebbi rokon növénycsoport több fajának genomját szeretnénk összerakni, majd az ezeken alapuló úgynevezett pángenom összeszerelése és elemzése van tervben, amivel – a nem-modell növényfajok körében – világelsőek lehetünk – vetítette előre Sramkó Gábor.

A teljes cikk a következő linken érhető el: <https://www.nature.com/articles/s41597-024-03046-0>

Sajtókapcsolat:

- Debreceni Egyetem Rektori Hivatal Sajtóiroda
- +36 52 512 000 / 23251
- sajtouiroda@unideb.hu

Eredeti tartalom: Debreceni Egyetem

Továbbította: Helló Sajtó! Üzleti Sajtószolgálat

Ez a sajtóközlemény a következő linken érhető el:

<https://hellosajto.hu/11901/orszagosan-egyedulallo-genomikai-eredmeny-a-de-kutatoitol/>