ALTERNATOR
Misliti znanost.

Nov košček v sestavljanki o vrednostih C rastlinskih genomov

31. 3. 2022

Number: 13/2022

Author:

- Marina Dermastia

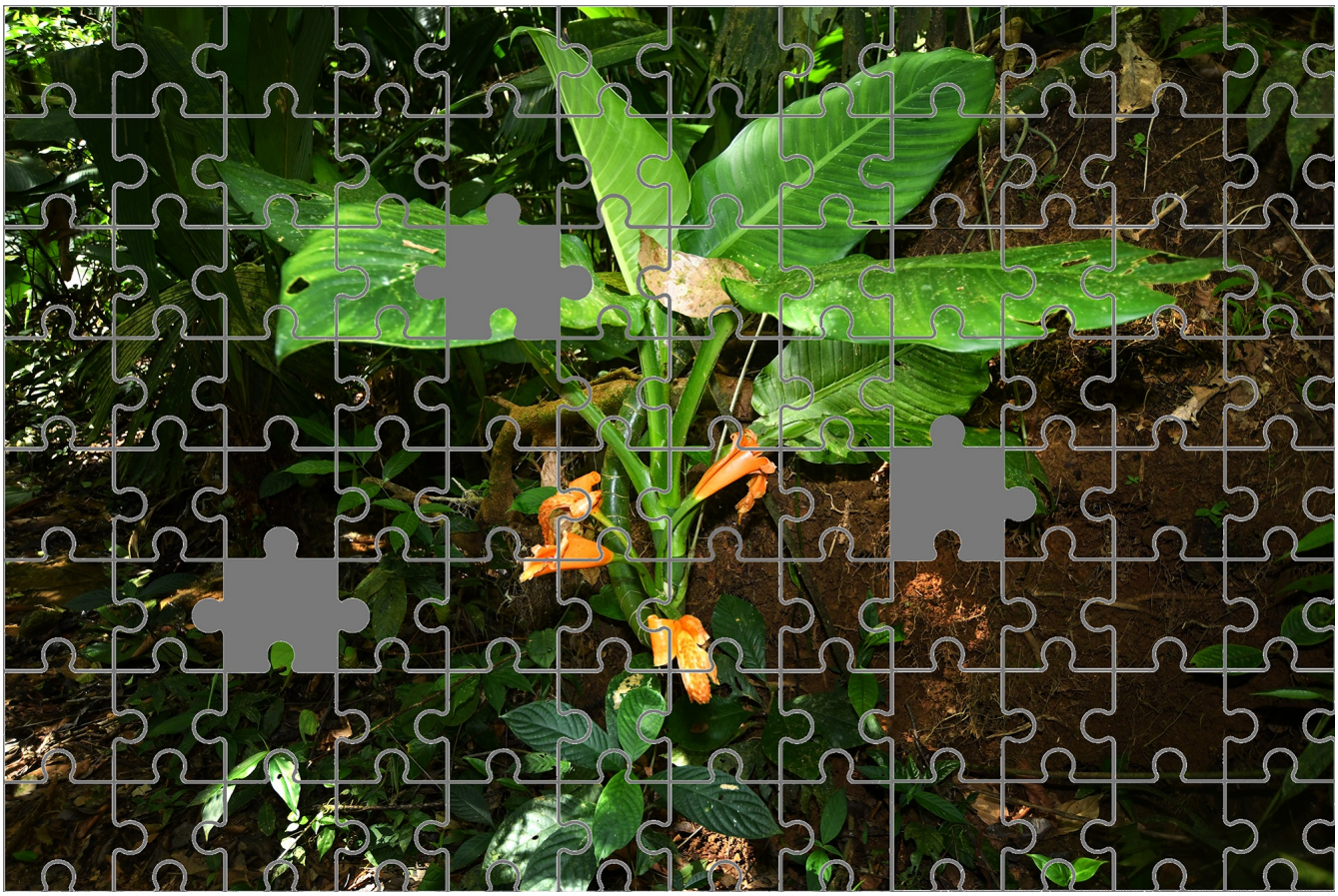


Foto: Marina Dermastia, računalniška obdelava: Katja Bidovec

Raziskovalci Nacionalnega inštituta za biologijo (https://www.nib.si/) se vsako drugo leto s študenti Biotehniške fakultete Univerze v Ljubljani odpravijo v Kostariko na tropsko raziskovalno postajo La Gamba (https://www.lagamba.at/en/) , ki jo upravlja Univerza na Dunaju. Postaja leži v narodnem parku Piedras blancas v še edinem preostalem primarnem tropskem deževnem gozdu na tihomorski strani Amerike, ki ga odlikuje izjemna biodiverziteta rastlinskih in živalskih vrst. Na zadnji odpravi so, poleg drugih raziskav, nabirali rastline iz družine kačnikovk (Araceae), da bi jim določili vrednosti C (https://www.mdpi.com/2223-7747/11/3/334) oziroma – povedano preprosteje – da bi ocenili velikost njihovih jedrnih genomov. Kačnikovke so tretja največja družina enokaličnic, ki jo sestavlja približno 140 rodov s 4000 opisanimi vrstami. Številne vrste, kot so filodendroni, monstere ali difenbahije, so tradicionalni okrasi naših dnevnih sob. Čeprav predstavnike družine najdemo v različnih življenjskih okoljih, jih je kar 90 % omejenih na tropska območja, od tega 58 % v Južni in Srednji Ameriki. Kačnikovke imajo zelo pestre življenjske oblike. Najpogostejše so terestrične, ki izraščajo iz tal, a zelo pogoste so tudi epifitske. Epifitske rastejo na gostiteljski rastlini in za preživetje ne potrebujejo stika s tlemi, saj vsa hranila in vodo sprejmejo iz padavin in listnega opada, tega zberejo v posebnih »košarah«, ki jih oblikujejo listi. Med epifitskimi kačnikovkami so take, ki živijo izključno epifitsko, in take, ki živijo epifitsko le v posebnih razmerah. Poznane so tudi polepifitske, ki začno življenje s kalitvijo semen visoko v drevesnih krošnjah in nato poženejo zračne korenine. Te se lahko zakoreninijo v tla, ko jih dosežejo. Nomadske plezalke med kačnikovkami kalijo tako kot terestrične, se nato vzpnejo na gostiteljsko rastlino in končno izgubijo stik s tlemi. Med kačnikovkami so tudi prave vodne rastline.

Življenja prav vseh organizmov na našem planetu določajo genomi

Genom organizma vsebuje biološke informacije za njegovo gradnjo, razvoj in vzdrževanje njegovega življenja. Večino genomov, vključno z našim, in genome vseh celičnih oblik življenja gradi deoksiribonukleinska kislina, vsem znana kot DNK, le genome nekaterih virusov sestavlja ribonukleinska kislina – RNK. Tako DNK kot RNK sta polimerni molekuli, sestavljeni iz verig monomerih podenot – nukleotidov. Vsako molekulo DNK sestavljata dve verigi polinukleotidov, oviti v dvojno vijačnico. Verigi sta povezani, tako da se med seboj v bazne pare z vodikovimi vezmi povezujejo sosednji nukleotidi. Pri vseh večceličnih živalih je genom sestavljen iz jedrnega genoma, ki predstavlja DNK v jedru, kjer je urejena v kromosome, in mitohondrijskega genoma z DNK v posebnih organelih, mitohondrijih. Pri rastlinah je dodatna DNK shranjena še v plastidih, vključno s kloroplasti.

Velikost jedrnega genoma je predmet bioloških raziskav že od spoznanja, da je DNK glavna genska snov organizmov

Kmalu po odkritju zgradbe DNK leta 1953 so ugotovili, da je količina DNK v genomu običajno konstantna, tako v celicah posameznega osebka kot tudi pri osebkih iste vrste. Leta 1950 je Hewson Swift skoval izraz vrednost C, ki označuje količino jedrne DNK v nepodvojenem haploidnem genomu (število kromosomov je *n*, kot je to v spolnih celicah) posameznega osebka. V svojem pismu (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4246706/) enemu od pionirjev raziskav vrednosti C rastlin, Michaelu Bennettu iz Kraljevih botaničnih vrtov v Kewu (https://www.kew.org/) v Veliki Britaniji, je Swift zapisal: »… mislim, da je bila vrednost C prvič omenjena v mojem članku, objavljenem v *Proceedings of the National academy of sciences of the USA* (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1063260/) leta 1950. Z izrazom sem se želel le izogniti zmedi s številom kromosomov *n*, saj je bilo očitno, da ima diploidna celica, ki vstopa v profazo, enako količino DNK kot tetraploidno jedro v zgodnji interfazi. Bojim se, da črka C ni pomenila nič bolj glamuroznega kot »konstantno«, torej količino DNK, značilno za določen genotip«. Vrednost 1C DNK torej pomeni količino DNK v jedru celice z nepodvojeno kopijo jedrnega genoma. Vrednost C izražamo s številom baznih parov nukleotidov ali kar v pikogramih DNK. Enota vrednosti C se uporablja ne glede na to, ali je vrsta diploidna (število kromosomov je 2*n*) ali poliploidna (število kromosomov je pomnoženo).

Vrednost C se med organizmi zelo razlikuje

Vrednost C je med organizmi v razponu med 10^7 do 10^{11} baznih parov. Človeški genom je s 3 x 10^9 baznih parov v sredini tega razpona. Čeprav so včasih predpostavljali, da je kompleksnost organizma vsaj v grobem povezana z velikostjo jedrnega genoma, ta korelacija ni univerzalna. Človeški jedrni genom je res večji od jedrnega genoma večine žuželk, a nekatere dvoživke imajo skoraj 50-krat večji jedrni genom od ljudi. Rastlinski jedrni genomi pokrivajo celotni razpon vrednosti C. Enega najmanjših rastlinskih jedrnih genomov s približno 10^8 baznih parov ima modelna raziskovalna vrsta navadni repnjakovec (*Arabidopsis thaliana*), enega največjih pa z 1,4 x 10^{11} baznimi pari asirska logarica (*Fritillaria assyriaca*).

Kljub temu da smo do danes razvozlali zaporedja genomov številnih organizmov in vemo, da genome sestavljajo različne oblike DNK, prispevka posamezne oblike h kompleksnosti organizmov v veliki meri še vedno ne razumemo. To naše nepoznavanje je med znanstveniki poznano kot *uganka vrednosti C*. Velike razlike v velikosti genomov naj bi bile med drugimi možnostmi povezane s številom nekodirajočih zaporedij, napak pri popravljanju DNK ali poliploidnosti. Na primer pri koruzi je povečanje celotnega jedrnega genoma v primerjavi s predniškimi vrstami povezano z nekodirajočimi ponavljajočimi se zaporedji DNK – transpozoni, ki predstavljajo kar 85 % (https://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1009768) jedrnega genoma koruze. Raziskave tudi kažejo, da ima večina rastlinskih vrst manjše jedrne genome, kot bi pričakovali glede na poliploidijo predniških vrst. Čeprav razlogov in mehanizmov, ki so povezani z zmanjšanjem količine DNK, za zdaj še ne poznamo ali ne razumemo, zmanjšanje nakazuje selekcijski pritisk v smislu zmanjševanja jedrnega genoma.

Ne glede na naše omejeno znanje o velikosti genoma pa med znanstveniki prevladuje prepričanje, da ima vrednost C uporabno napovedno vrednost na različnih področjih, od molekularne in celične biologije, ekologije, fiziologije, evolucije. Na primer, v razvijajočih se založnih močnatih telesih zrn neposrednega evolucijskega prednika koruze – teozinta (https://bsapubs.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.3732/ajb.0900059) , koruze (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1540223/) in sorodnega sirka (https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0733521005001190) – smo ugotovili pozitivno povezanost vrednosti C, velikosti jedra in velikosti celic. Prav tako smo dokazali (https://esajournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1890/08-1798.1) selekcijsko prednost velikosti jedrnega genoma pri rastlinah, ki uspevajo v območjih, zelo onesnaženih s težkimi kovinami in da lahko vrednost C uporabimo za oceno stopnje ploidnosti pri pasji travi v slovenskih Alpah (https://link.springer.com/article/10.1007/s00606-002-0186-0) . Težave pri analizah vrednosti C zelo omejuje dejstvo, da imamo na voljo le zelo malo tovrstnih podatkov. Od leta 1997 zbirko vrednosti C (https://cvalues.science.kew.org/) vzdržujejo Kraljevi botanični vrtovi v Kewu. V zbirki so trenutno vrednosti C za 12.273 vrst; od tega 10.770 vrednosti C za kritosemenke, 421 za golosemenke, 303 za praprotnice, 334 za mahove in 445 za alge. Kako majhen delež je to, ponazarja dejstvo, da so znane vrednosti C le za 2,9 % znanih vrst kritosemenk kot najbolj raznolike in številčne skupine rastlin. Zelo podcenjene so tudi vrednosti za posebne rastlinske oblike, kot so epifiti, ali za rastlinske vrste z določenih geografskih območij, kot sta Južna in Srednja Amerika.

Vrednosti C kačnikovk v Kostariki

Pa se vrnimo h kačnikovkam v Kostariki. Kljub temu da so znane nekatere vrednosti C za nekatere vrste v tej družini, so znane le za 35 % vrst na območju Južne in srednje Amerike. V raziskavi znanstvenikov Nacionalnega inštituta za biologijo, Biotehniške fakultete in Univerze na Dunaju (https://www.mdpi.com/2223-7747/11/3/334) so bile določene vrednosti C za 26 epifitskih kačnikovk, kar predstavlja kar 58 % vseh do sedaj vključenih vrednosti C v podatkovno zbirko. Vrednosti C so bile v raziskavi prvič določene za pet rodov (*Adelonema*, *Aglaonema*, *Dracontium*, *Rodospatha*, *Stenospermation*) in za rod *Spathiphyllum*, ki je bil do sedaj obravnavan le pri eni okrasni vrsti. Analiza rezultatov novih meritev skupaj s tistimi, ki so že bile v podatkovni zbirki, je pokazala zmeren razpon vrednosti C. Medtem ko so bile največje vrednosti C zaznane pri terestričnih vrstah in so bile povprečne vrednosti epifistkih le rahlo nižje, pa so bile vrednosti C vodnih kačnikov statistično zelo odstopajoče nižje. Filogenetska analiza – rekonstrukcija evolucijske zgodovine živečih vrst na osnovi morfoloških ali molekularnih informacij podatkov – je pokazala, da vrednost C ni povezana z evolucijskim položajem vrste. Pridobljeni podatki pomembno dopolnjujejo podatkovno zbirko vrednosti C. Kljub temu pa so nujne nadaljnje raziskave, ki bi potrdile, ali imajo majhne razlike v vrednostih C med epifitskimi in terestričnimi vrstami kakršenkoli ekološki pomen. Na drugi strani pa majhne vrednosti C vodnih kačnikovk nakazujejo ekološko vlogo njihovega majhnega jedrnega genoma. Morda jim je prav ta omogočil, da so se v evoluciji s kopnega preselile v vodna okolja. Odkritja raziskave tako predstavljajo nov najdeni košček v sestavljanki rastlinskih genomov.

https://www.alternator.science/en/short/nov-koscek-v-sestavljanki-o-vrednostih-c-rastlinskih-genomov/