

A GÉNKUTATÁS-GENOMIKA SZEREPVÁLLALÁSA A NÖVÉNYEK NEMESÍTÉSÉBEN

Dudits Dénes

az MTA rendes tagja; főigazgató, MTA Szegedi Biológiai Központ – Dudits@nucleus.szbk.u-szeged.hu

Az élő szervezetek fejlődési fájának bonyolult elágazásai ellenére az életet megvalósító molekulák, működési mechanizmusok jelentős konzerváltságot mutatnak a vírusoktól az emberig. Az alapvető életfolyamatok rendező elvének általános érvényesülése gyakran felismerhető rendszertanilag igen távoli élőlények tanulmányozásakor. A számos meggyőző példa között talán kiemelt figyelmet érdemel az öröklődés mikéntjének problémája, hiszen minden sejt, élőlény utódként szülői tulajdonságokkal is rendelkezik. A nemzedékeket összekötő öröklődési folyamat törvényszerűségeinek keresése *Gregor Mendel* borsó kísérleteit követően vezetett el a gének mint a tulajdonságok öröklődéséért felelős funkcionális egységek meghatározásához. Bár a gének szerepét, működését széleskörűen bizonyították a kutatások is, az *Ivan Micsurin* és *Trofim Liszenko* nevéhez fűződő irányzat képviselői mégis előszeretettel használták a növényeket az öröklődés génelméletének megsemmisítését célzó, gyakran politikai indíttatású háborújukban. Magyarországon is virágzott ez a szemlélet 1953-ban és az azt követő évtizedben, annak ellenére, hogy már korábban transzformációs kísérletek (*Avery et al.*, 1944) igazolták a DNS mint örökítésért felelős molekula jelentőségét, és a *Watson-Crick*-modell rávilágított az alapvető struktúrális és funkcionális jellemzőkre (*Watson –*

Crick, 1953). Természetesen az évtizedek múlásával a tévutak elvesztik jelentőségüket. Különösen a rekombináns DNS módszerek bevezetése járult nagyban hozzá ahhoz, hogy a gének misztikus világa kémcsőben kezelhető anyagi valósággá szelődött. Így kerülhetett sor a nyolcvanas évek elején növényi gének izolálására, funkcionálisan működőképes génkonstrukciók létrehozására és azok növényekbe történő beépítésére. Új fejezet kezdődött a növényi világ kutatásában, és természetesen a növények nemesítésében. A *Watson-Crick*-modell hiányában nem jutottunk volna el a genomika korszakába, amikor számos élő szervezet, így a lúdfű (*Arabidopsis*), rizs, kukorica teljes DNS-állományának megszekvenálása utat nyitott a genomszintű megközelítések számára.

A láthatatlan gének és több évszázad növénynemesítési gyakorlata

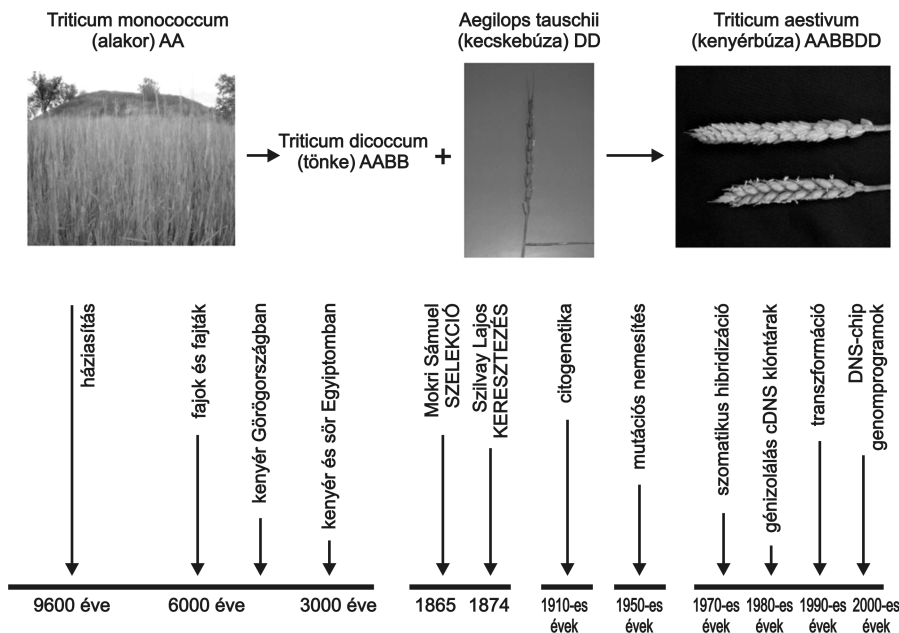
A növények emberi érdekek, célok szerinti alakítása, nemesítése a génmanipuláció művészete. A fajta-előállítás mindennapi gyakorlatában a kívánt génkombinációk létrehozása és megtalálása azért bonyolult művelet, és azért igényel intuitív képességeket, mert a felszínen megjelenő tulajdonságok fenotípusos vizsgálatával csak közvetve tájékozódhatunk a gének jelenlétéről, működésének mikéntjéről. Mint az *1. ábra* szemlélteti, ez a folyamat a búza esetében évezre-

dekkel ezelőtt az *alakor* formák természetbe vételével elkezdődött. Spontán keresztezések és a poliploidizáció vezettek a kenyérünket adó gabona mai változatainak kialakulásához. A XIX. század közepétől a természetes evolúciós folyamatok még inkább háttérbe szorultak, hiszen a tudatos szelekció, később pedig a szülői növények megválasztása és keresztezése tette hatékonyabbá a búza génösszetételének célirányos befolyásolását.

A növénynemesítés sikerességét sokban szolgálta a genetikai, növényélettani és a kórtani kutatások eredményeinek felhasználása. Jól érzékelhető hatása volt a citológiai módszerek tökéletesítésének, amelyek lehetővé tették a kromoszómák számának meghatározását és a strukturális átrendeződésének kimutatását. A mesterséges poliploidizációra alapozott nemesítés kiemelkedő eredményeket hozott például a cukorrépatermesztésben. A gének hirtelen megváltozásai, mutációi nemcsak a természetes

evolúció során játszanak szerepet, hanem a genetikai variabilitás fontos forrásai a nemesítési tenyésanyagok esetében is. A mutációk gyakoriságának besugárzással vagy mutagén vegyületek felhasználásával történő megemelése durva és véletlenszerű beavatkozás, amely ennek ellenére eredményezheti hasznos genotípusok kialakulását.

Általános megfigyelés, hogy a természet növényeinkkel rokon, vadon élő fajok számos, agronómiai szempontból értékes génnel rendelkeznek. Különösen gazdag forrásai lehetnek betegségekkel vagy szélsőséges környezeti tényezőkkel (szárazság, fagy) szembeni rezisztenciát biztosító géneknek. Ezért a távoli keresztezések evolúciós korlátait a nemesítői találékonyság folyamatosan próbálja megkerülni. A testi sejtekből izolált protoplasztok fuzionáltatásával létrehozott szomatikus hibridek jelentősen kiszélesítették a nem rokon növények közötti génátvitel lehetőségeit. Mind a faj- és nemzetségkereszteзések, mind a sejtibridi-



1. ábra • A búzagének manipulálásának módszerei az évszázadok során

záció során a gének tízezrei véletlenszerűen rekombinálnak, így csak utólag, a növények tulajdonságait értékelve lehet a kívánt génkombinációkat megtalálni és hasznosítani.

A növényi gének szerkezetének és működésének titkait őrző DNS-molekulák

A rekombináns DNS módszerek kidolgozását követően kézenfekvő volt a növényekből izolált DNS-minták tanulmányozása az új metodikák birtokában (Dudits, 2000). Elkészültek az első genomikus gén klóntárak. Egyedi gének szekvenciaadatai alapján be lehetett határolni a növényi gének főbb funkcionális elemeit, amelyek a már ismert állati gének szerkezeti elrendeződéséhez sokban hasonló felépítést mutattak. Igazolódott, hogy a kódoló DNS-szakaszt megelőző (5' végi) ún. promotorrégiók sajátos szekvenciamotívumokkal (cisz elemekkel) rendelkeznek, amelyek fénytől, szövettípustól vagy környezeti hatásoktól függő génkifejeződést biztosítanak. A cisz elemekkel kölcsönható akár gátló, akár aktiváló fehérjék (transzkripciósfaktorok) megismerése elengedhetetlen a szabályozott génkifejeződés törvényszerűségeinek megismeréséhez. A legújabb kutatási eredmények fényében kiemelt hangsúlyt kap az a tény, hogy az egyes gének promotereinek működési állapotát alapvetően meghatározza a kromatin szerkezete. Változások a DNS metiláltságában, a hisztonfehérjék acetiláltságában, foszforiláltságában egyaránt szerepet játszanak a kromatin átstrukturálódásában. Mindinkább igazolást nyer, hogy az átrendeződésért (Chromatin-remodelling) felelős fehérjék mutációs hibái elvezethetnek a fejlődési program összezavarásához. Így fordulhat elő, hogy kimarad a növényi életciklus vegetatív fázisa, és a mutáns növények csírázás után azonnal virágot hoznak. Hibás kromatinszerkezet megtermékenyítés nélkül is okozhatja

az endospermium-szövet kialakulását. A kromatinszerkezettel kapcsolatos kutatások is világosan mutatják, hogy a DNS-molekulák nukleotidszekvenciájában tárolt információk a sejtfunkciók működtetéséhez való felhasználhatósága a magasabb szintű szabályozási rendszer ellenőrzése alatt áll.

A gének elsődleges termékei, az mRNS-molekulák vezérlik a sejtfunkciókhoz szükséges fehérjék, enzimek szintézisét. Az mRNS felhasználásával szintetizált ún. cDNS-molekula populációk egy adott sejt- vagy szövettípus aktív génjeit reprezentálják, és így fontos jellemzői az aktuális funkcionális vagy fiziológiai állapotnak. A növények különböző szöveteiből származó cDNS-bankok sokban segítik a génizolálási programokat. Beteg és egészséges, illetve stresszhatásnak kitett és kezeletlen növényi szövetekből származó cDNS-bankok klónjainak összevetése sok esetben vezetett el agnómiai értékeket felmutató gének azonosításához. A különböző eredetű cDNS-ekkel végzett differenciális hibridizáció mellett mind gyakrabban nagyszámú cDNS-klónt megszekvenálva ún. EST (Expressed Sequence Tag) adatbázisokat hoznak létre, amelyek megbízható alapot adnak az *in silico* végzett génvadászatokhoz.

Génkutatás in silico és növény-nemesítés molekuláris markerek segítségével

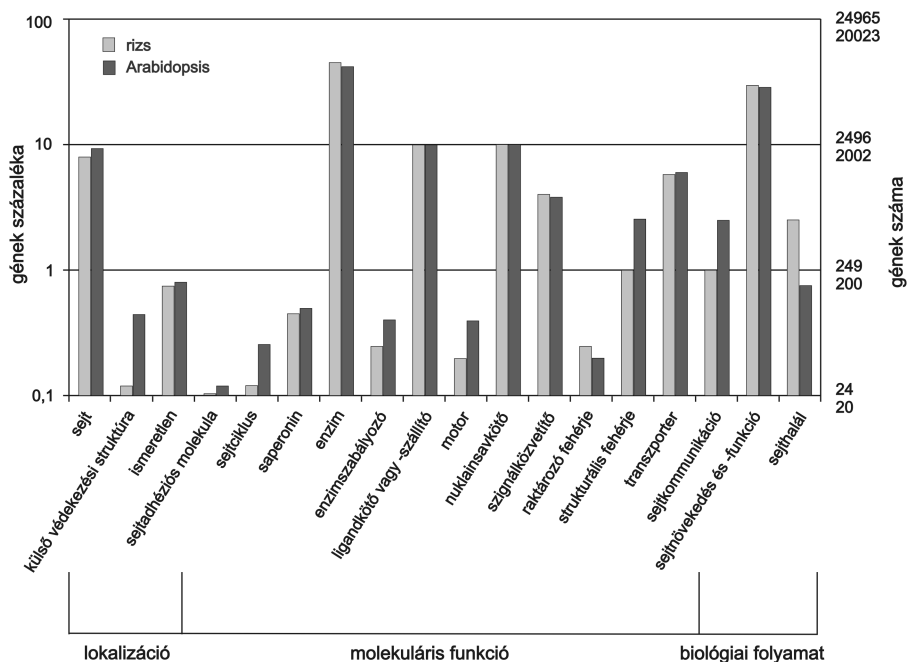
Az „Arabidopsis Genom Kezdeményezés 2000” eredményeként széles nemzetközi együttműködéssel valósult meg a lúdfű (*Arabidopsis thaliana*) DNS-ének megszekvenálása (The Arabidopsis Genome Initiative, 2000). A számítógépprogramokkal végzett génpredikció szerint ez a gyomnövény – a növény molekuláris biológiai kutatás *Drosophila* – 25 500 gént tartalmaz. Érdekes megfigyelés, hogy a gének többsége két példányban található meg, és mintegy 11 ezer géncsalád ismerhető fel. A genomikai kutatásban az egyszerű gabonafélék mo-

dellnövénye a rizs, amelynek mintegy 430 millió nukleotidból épül fel a genomja. Mind az „*indica*” típusú rizs szekvenálását végző pekingi intézet, mind a „*japonica*” típusú genomot szekvenáló Syngenta cég kutatói szerint a rizsnek hozzávetőlegesen 50 ezer génje van. (Yu, 2002; Goff, 2002). Az *Arabidopsis*-gének 36 %-a, a rizsgének 20 %-a esetében lehetett az *INTERPRO* vagy *Gene Ontology* programcsomagokkal a kódolt fehérje szerepét megjósolni. Az azonosított géntermékek molekuláris funkciók szerinti megoszlása nagymértékben hasonló a két növény esetében.

A törzsfajódás során, az egy-, illetve két-szikú fajok 200 millió évvel ezelőtti szétválását követően a genomok jelentős átrendeződése következett be. Így viszonylag kismértékű egybeesés (syntheny) figyelhető meg a gének kromoszómális elhelyezkedésében. Ugyanakkor a rizs molekuláris térképe nagyfokú megegyezést mutat a búza-, árpa- vagy

kukoricakromoszómák genetikai markereinek elrendeződésével. Az *Arabidopsis* és a rizs génkészletének hasonlóságában jelentős aszimmetria figyelhető meg. Míg az *Arabidopsis*-gének 80 %-a tartalmazza a rizsben megtalálható homológ gént, addig a rizsgéneknek csak a fele mutat homológiát valamelyik *Arabidopsis*-génnel. Növénynevelési szempontból figyelmet érdemel, hogy közel hatszáz rizsgén kódol betegségezisztenciát biztosító fehérjét, amely az ún. apoptózis-rezisztencia doménnel rendelkezik. Ezen túl négyszáz ún. R gén mutatható ki a rizsben. A rezisztenciagének termékei leucininban gazdag ismétlődéseket tartalmazó fehérjék. Érdekes adat, hogy számos, a virágzás idejét, illetve a virág fejlődést szabályozó *Arabidopsis*-gén megfelelője megtalálható a rizs genomjában.

A növényi genomprogramok sikerességét nagymértékben elősegíti, hogy jó néhány gazdasági növényünk (búza, kukorica,



2. ábra • A rizs- és Arabidopsis-gének funkció szerinti osztályozása (Yu et al., 2002)

árpa, lucerna, borsó, szója) bevonásával folyamatosan bővítik a kutatók és nemesítők a genetikai térképeken elhelyezett markerek körét. A részletes kromoszómaterképek elkészítésekor fenotípusos vagy élettani bélyegek génjei mellett a molekuláris markerek helyzetét is megállapítják. A kapcsoltság mértékét a rekombinációs gyakoriság alapján lehet megbecsülni. A molekuláris markerek széles választéka használható fel a géntérkép megszerkesztéséhez. Így a polimorfizmus a restriktációs enzimmel végzett hasításból származó DNS-fragmentek hosszában (RFLP) vagy specifikus primerekkel történt amplifikációs termékek méretében (AFLP) szolgálhat markerként. A mikroszatellitek sajátos nukleotidkombinációk egymás utáni ismétlődéseiből épülnek fel, és amplifikációjuk jellegzetes DNS-terméket ad a térkép elkészítéséhez. A specifikus DNS-szakaszok amplifikációja a polimeráz láncreakcióval (PCR) valósítható meg. Igen hasznos molekuláris markerek az EST klónok, amelyek ismert szekvenciájú cDNS-ek. A genomszintű molekuláris variabilitás, amely egyedek vagy rendszertani kategóriák azonosítását is lehetővé teszi, jellemezhető egyetlen nukleotidot érintő polimorfizmussal (SNP: single nucleotide polymorphism). A tranzíciós (A?G vagy C?T), valamint transzverziós (A/G?C/T vagy C/T?A/G) változások akkor jelentenek polimorfizmust, ha a populáció több egyedének vizsgálatakor kimutathatók. Az SNP markerek jól használhatók rekombinációs térképek készítéséhez, továbbá mennyiségi tulajdonság kialakításában szerepet játszó kromoszómaregiók (Quantitative Trait Loci, QTL) behatárolásához. A növény-nemesítő által javítandó tulajdonságok (terméshozam, minőség, tenyészidő, stb.) zöme több gén által befolyásolt mennyiségi bélyeg. Minden molekuláris marker, amely összefüggésbe hozható agronómiai értékű tulajdonságokkal, például betegség-ellenállósággal, szárazságtűréssel, termés-komponensekkel, jelen-

tős megbízhatóságbeli és hatékonyságbeli javulást tesz lehetővé a szelekciós munkában. A fenotípus helyett a közvetlen genetikai alapok értékelhetők a környezeti tényezők zavaró hatásai nélkül. A molekuláris markerekre alapozott nemesítési gyakorlat mindinkább széleskörűen elterjed, hiszen a növények egzaktabb értékelésével a tulajdonságok javítása sikeresebbé válik.

A molekuláris markerekre alapozott genetikai térképeken behatárolható a mutációt szenvedett gének helye is. A térképezésen alapuló génizolálás számos esetben vezetett a gének klónozásához még a komplex genommal rendelkező fajok esetében is, mint a lucerna (Endre, 2002).

A transzgénikus növények nélkülözhetetlenek a gének szerepének kutatásában

Tradicionálisan egy ismeretlen gén szerepét csak közvetett információk alapján tudjuk megjósolni. Ha hiba, mutáció következik be a gén szerkezetében, akkor a megváltozott fenotípusos bélyegek árulkodhatnak a funkcióról. A keresztezésekből származó új génkombinációk is megváltoztathatják a morfológiai, élettani sajátosságokat. Az izolált génnek birtokában például cDNS-klónok felhasználásával teljesen új génkutatási stratégiák kidolgozására nyílt lehetőség, amelyek során a vizsgálandó gének működőképes formában visszaépíthetők a gazdanövény genomjába. A génbeépítés műveletét transzformációnak, az *in vitro* rekombináns DNS módszerekkel megszerkesztett DNS-molekulát transzgénnek, és az új gént hordozó növényt transzgénikus növénynek nevezük.

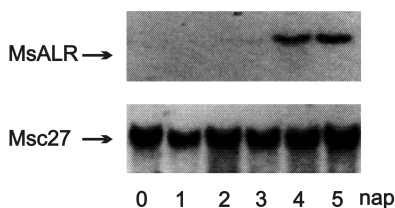
Napjainkra szinte minden, gazdaságilag jelentős növény esetében hatékony transzformációs módszerek állnak rendelkezésre. Leggyakrabban a talajbaktérium, az *Agrobacterium* természetes génátviteli rendszerét kihasználva építenek be géneket a növé-

nyekbe. Ez a megközelítés sikeresen alkalmazható mind kétszikű, mind egyszikű fajok génösszetételének megváltoztatására. A párányi arany szemcsékre rögzített DNS-molekulák belőhetők a sejtekbe, és így biztosítható az idegen gén beépülése. A jelenlegi transzformációs módszerek elsősorban a testi, szomatikus sejtekbe juttatják be a vizsgálandó génkonstrukciókat. Ezért a transzformált sejtekből *in vitro* tenyészetekben növényeket kell regenerálni, ami gyakran metodikai korlátot is jelenthet. A növények egyedfejlődési sajátosságaiból is fakadóan a differenciált sejtek az osztódások indukciójával átprogramozhatók, kialakíthatók bennük a totipotens állapot, amely embriók vagy hajtáskezdemények kialakulását teszi lehetővé. Így fertilis növények nevelhetők fel a transzformált testi sejtekből (Dudits – Heszky, 2000).

A gének, illetve az általuk kódolt RNS-vagy fehérjemolekulák szerepét lehet tanulmányozni a vizsgálandó DNS-molekulák átmeneti, tranzienst kifejeztetésével vagy a genomba integrálódott formában, amikor a beépült transzgen az utódgenerációkra öröklődik. Széleskörűen használt génmanipulációs stratégia, hogy a transzformációs vektor promotérének segítségével megnöveljük a géntermék mennyiségét, és értékeljük a túlermelt fehérje hatását. A fehérjét kódoló DNS-szakasz származhat a transzformált fajból, de egyaránt lehetőség van virális, bakteriális, nem rokon növényi vagy állati gének kifejeztetésére is. A génműködés fokozását nagy aktivitású, többnyire folyamatosan működő promoterek felhasználásával lehet biztosítani. A gén eredeti promotérét kicserélve kiválasztott regulátor DNS-szakaszra, megváltoztatható a génkifejeztési mintázat, új vagy több fehérje termeltethető a növények sejteiben. A céltudatosan megtervezett géntechnológiai beavatkozások eredményessége sokban függ a promotérkészlet gazdagságától. A génizolálási prog-

ramok a kívánt cDNS-ek megtalálásán túl külön figyelmet fordítanak a promoterrégió azonosítására és jellemzésére. Minél pontosabban szabályozható a géntermék mennyisége illetve irányítható keletkezésének helye vagy ideje, annál gazdaságosabb a génsebészeti beavatkozás. Ha a nemesítés célja például a búzaszem tápértékének javítása, akkor indokolt endospermium specifikus promoterral kifejeztetni a beépített gént. Igen nagy jelentősége van a szövet- vagy szervfüggő kifejeztődést eredményező promotereknek. Intenzíven kutatják az ún. indukálható promotereket, amely környezeti tényezők megváltozásakor (fagy vagy hőhátás, vízhiány, kórokozók támadása) biztosítják a védekezéshez szükséges fehérjék szintézisét. Míg az ún. első generációs gyomirtó szer vagy kártevőerezisztens transzgenikus fajták többnyire folyamatos kifejeztődésű (konstitutív) promoterekkel készültek, addig a jövőbeni termékek fejlesztésekor mérnöki precizitással tervezik meg a génműködés szabályozottságát.

A kívánt promotor megtalálásához, a gének funkciójának tisztázásához elengedhetetlen a génkifejeztődés sokoldalú jellemzése. Egyedi génekről szintetizálódó RNS-molekulák mennyiségéről az ún. *northern* hibridizáció módszerével nyerhetünk adatokat.



3. ábra • Az aldózreduktáz (MsALR) gén aktiválódása a lucernanövényekben a szárazságstressz 4-5. napján. Az Msc27 gén mRNS mennyisége konstitutív génkifejeztést mutat (Oberschall et al., 2000)

A 3. ábrán (Oberschall, 2000) látható, hogy a lucerna aldózreduktáz mRNS szintetizálódik a vízhiány okozta szárazságstressz hatására. Ugyanakkor az Msc27 jelű gén valamennyi vizsgált növényi mintában aktív. A sejtek fiziológiai vagy működési állapotának jellemzéséhez célszerű nagyszámú gén kifejeződési paraméterét ismerni. Az ún. DNS-chip technológia egyetlen vizsgálattal több ezer génről nyújt információt. Az üveg tárgylemezre robot segítségével rögzített ezernyi génpróbához hibridizált és fluoreszcens festékkel megjelölt minta DNS-ek mennyiségét lézer leolvasó határozza meg. A fluoreszcencia-jelek feldolgozása után a komputerprogramok csoportosítják a géneket aszerint, hogy a működésük fokozódott vagy gátlódott a vizsgált sejtekben, szövetekben. A komplex génkifejeződési mintázatok diagnosztizálják a növény funkcionális képességeit.

A transzgenikus technológiák több alternatívát is kínálnak a gének hatástalanításához. Egy gén működésképtelenné válhat, ha idegen DNS-szekvenciák elrontják a funkcionális elemeket. Az ún. inszerciós mutagenézis programok nagyszámú transzgenikus vonalat hoznak létre az *Agrobacterium* T-DNS-ének beépítésével. A véletlenszerű beépülések szomszédságában található DNS-szakaszok megszekvenálásával megtudható, hogy milyen génben történt a hiba, illetve megállapítható az okozott biokémiai, fiziológiai vagy fejlődési hatás. Ez a rendszer fordítva is működik, ugyanis ha egy ismert szekvenciájú gén szerepét kívánjuk tisztázni, akkor a szekvencia alapján a mutánsgyűjteményből megkérhetők azok az inszerciós vonalak, amelyek esetében az adott génbe történt a beépülés. Az ilyen mutánsgyűjteményeket elsősorban az *Arabidopsis*-gének funkcionális vizsgálatában használják kiterjedten, de folyamatban van a rizs- vagy lucernamutáns-parkok előállítása is. A mobilis DNS-elemek, a transzpozonok, szintén ered-

ményesen használhatók a gének szerepének kutatásában és a génizolálási programokban.

A gének elhallgattatásának hatékony eszközét kínálja az ún. antiszensz megközelítés. Ahhoz, hogy valamely növényi gén termékét, a képződő RNS-molekulákat szekvenciaspecifikus enzimek lebontsák, kettős szálú RNS-hibridek keletkezését kell biztosítani. Ilyen molekulaszervezet kialakulhat úgy, ha a célgént egy újabb példányban, de megfordított formában építjük be a gazdage-nomba. Így a transzgénről képződő RNS-molekulák hibridizálhatnak a belső gén termékeivel, ami azok degradációjához vezethet. Ez a géntechnológiai stratégia idegen DNS-szekvenciák felhasználása nélkül is jelentős és specifikus hatásokat tud létrehozni a transzgenikus növényekben. Az ún. interferáló RNS-molekulák megsztetizálhatóak vírusvektorokkal vagy kémiai szintézis után bejuttathatók a növények sejtjeibe. A genomszintű génfunkció-vizsgálatok céljára, kihasználva a génelhallgattatás jelenségét, nagy kapacitású tesztrendszereket fejlesztenek ki.

A géntechnológiával módosított, nemesített (GM) fajták térhódítása

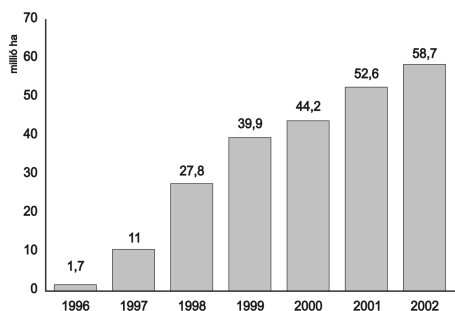
Az 1. ábra már felhívta a figyelmet arra, hogy az évszázadok folyamán a növény-nemesítés eredményességét nagymértékben segítette az új genetikai módszerek és tudományos elméletek alkalmazása. Így teljesen indokolt, hogy az utóbbi évtizedek növénybiológiai kutatásait alapjaiban meghatározó géntechnológia szerves részévé váljék a fajtaelőállító munkának. Soha nem látott szellemi és anyagi kapacitásokat fordítottak növényi gének izolálására, transzgenikus genotípusok előállítására. A genomszekvenálások eredményeként még intenzívebbé és hatékonyabbá váltak ezek a programok. Szinte nincs olyan növényi szerv, funkció, amellyel kapcsolatban ne lenne folyamatban génizolálási és

transzformációs kísérlet. Természetes és magától érthető, hogy ha a génbeépítés következményeként hasznos, új tulajdonságú növényeket sikerül előállítani, akkor azok növénynemesítési hasznosítását is megkísérlik. A laboratóriumban létrehozott genotípusok első értékelését általában üvegházakban végzik. A javított tulajdonságokat mutató variánsok azután átkerülnek a növénynemesítő tenyészkertjébe, ahol még kiterjedtebb, szigorúbb minősítés történik, akár éveken keresztül is. A fajtabejelentésre érdemes vonalak, törzsek további vizsgálatát az állami fajtaminősítő rendszerben végzik, és külön szabályok alapján vizsgálják a transzgénikus fajtajelölteket. A transzgénikus technológia a növénynemesítés folyamatának kezdeti fázisában jut szerephez, elsősorban új génkombinációt jelentő alapanyagok előállításával.

Két rizsnövény keresztezésekor 50 ezer gén véletlenszerű rekombinációjával jön létre az új genotípusú utód, amely számos nemkívánatos tulajdonságot is öröklöhet a szülőkől, ezért éveken át tartó visszakeresztezésekre és szelekciókra van szükség az optimális génkombinációval rendelkező növények megtalálásához. Az *in vitro* kialakított transzgén beépítésekor egyetlen új genetikai elem kerül be a növény többi génjei közé. Ismert a felhasznált DNS szekvenciája, értékelhetők a kódolt fehérje várható tulajdonságai. A gyakorlatban több száz független transzformációs eseményt analizálnak, és kiválasztják azokat a transzgénikus termékeket, amelyek mellékhatások nélkül hordozzák a kívánt tulajdonságot. A forgalmazható terméké válást szükség esetén széles körű toxikológiai és allergiavizsgálatok is megelőzhetik. A transzgén a gazdanövény genomjába történt integrációja után a mendeli szabályok szerint öröklődik, és ebben nem különbözik a befogadó faj saját génjeitől. A transzgénikus fajták használatával kapcsolatban gyakran megfogalmazódó

aggodalom, hogy ezek a genotípusok kereszteződés esetén beszennyezhetik a vadon élő rokon fajok génállományát. Ez fontos ökológiai kérdés, ami azonban korántsem új keletű, hiszen például a lucernába vagy repcébe beépített transzgén mellett több tízezer másik lucerna- vagy repcegén is hasonló valószínűséggel átkerülhet a vad fajokba. Ha évszázadok során nem törődtünk azzal a lehetőséggel, hogy a termesztett növények „nemesítik” majd a természetes populációkat, úgy a transzgénikus fajták használata sem jelent új helyzetet. Nem tapasztaljuk a gyomok nemesedését, inkább ellenkezőleg, elkenyézettett termesztett növényeinknek lenne szükségük a vad rokonfajok génjeire.

A nemzetközi szóhasználatot követve a géntechnológiával nemesített növényeket GMO (genetikailag módosított szervezet) rövidítéssel jelölik. Ez a megkülönböztetés szakmailag félrevezető, hiszen valamennyi termesztett növényünk, és így a belőlük származó élelmiszereink is genetikai módosítások sorozatának szüleményei, és ezért GMO termékek. Genetikai módosításnak kell tekintenünk a keresztezést, mutánsok előállítását vagy akár a poliploidizációt. Így a transzgénikus és a hagyományos fajták egyaránt génmanipulációkból származnak. A GMO megjelölés nem a termék sajátosságait minő-



4. ábra • A géntechnológiával nemesített (GM) fajták vetésterületének folyamatos növekedése (James C.: 2002)

síti, hanem a fajta-előállítás során alkalmazott többféle módszer közül egynek a felhasználásáról tájékoztatja a fogyasztót. A géntechnológia mint nemesítési módszer ugyanolyan, ha nem nagyobb biztonsággal kivitelezhető, mint a többi növénygenetikai beavatkozás. Ezt igazolja a csaknem tízéves termesztési tapasztalat: ez idő alatt több mint 230 millió hektáron termesztettek géntechnológiával nemesített növényeket minden egészségügyi vagy ökológiai katasztrófa nélkül.

A 4. ábra (James, 2003) adatai is megerősítik, hogy aligha ismert olyan, a mezőgazdaságot érintő technológiai forradalom, amely hasonló gyorsasággal terjedt volna el a világon. Az előnyök között elsőként említendő az olcsóbb és környezetkímélőbb növénytermesztési technológiák alkalmazhatósága. A betegségeknek és állati kórokozóknak ellenálló fajták termesztése sokban segítheti a biogazdálkodást. A rendelkezésre álló statisztikai adatok szerint a géntechnológiával nemesített, GMO növények révén

14 %-kal csökkent a felhasznált rovarirtó szerek mennyisége. Nagyszámú kutatási eredményre alapozva állítható, hogy a fenn tartható fejlődést biztosító mezőgazdasági gyakorlat megvalósításában a géntechnológiával nemesített növények használata meghatározó tényezőként jelenik meg. A DNS szerkezetének megfejtésétől a rekombináns DNS módszerek kidolgozásán át a funkcionális genomika nyújtotta információk felhasználásáig vezető kutató-fejlesztő tevékenység fontos és nélkülözhetetlen eszközt szolgáltat egy környezet- és egészségbarát növénytermesztés számára.

Köszönetnyilvánítás

A szerző ezúton is kifejezi köszönetét Keczan Józsefné Czákó Zsuzsannának a kézirat elkészítéséhez nyújtott segítségéért.

Kulcsszavak: növényi gének, kifejeződési mintázat, molekuláris markerek, szárazság, betegség, ellenállóság, genetikai módosítás, transzgenikus fajták

IRODALOM

- Avery, Oswald T. – MacLeod, Colin M. – McCarty, Maclyn (1944): Studies on the Chemical Nature of the Substance-inducing Transformation of Pneumococcal Types. Induction of Transformation by a Desoxyribonucleic Acid Fraction Isolated from Pneumococcus Type III. The Journal of Experimental Medicine. 79, 137-158.
- Dudits Dénes – Heszky László (2000): Növényi biotechnológia és géntechnológia. Agroinform, Budapest, 312. p
- Dudits Dénes (2000): Új korszak a növénybiológiában és -nemesítésben. Magyar Tudomány. 5, 537-554.
- Endre Gabriella – Kereszt A. – Kevei Z. – Mihacea, S. – Kaló P. – Kiss G. B. (2002): A Receptor Kinase Gene Regulating Symbiotic Nodule Development. Nature. 417, 962-966.
- Goff, Stephen A. – Ricke, D. – Lan, T. H. – Presting, G. – Wang, R. – Dunn, M. – Glazebrook, J. – Sessions, A. – Oeller, P. – Varma, H. – Hadley, D. – Hutchison, D. – Martin, C. – Katagiri, F. – Lange, B. M. – Moughamer, T. – Xia, Y. – Budworth, P. – Zhong, J. – Miguel, T. – Paszkowski, U. – Zhang, S. – Colbert, M. – Sun, W. – Chen, L. – Cooper, B. – Park, S. – Wood, T. C. – Mao, L. – Quail, P. – Wing, R. – Dean, R. – Yu, Y. – Zharkikh, A. – Shen, R. – Sahasrabudhe, S. – Thomas, A. – Cannings, R. – Gutin, A. – Pruss, D. – Reid, J. – Tavtigian, S. – Mitchell, J. – Eldredge, G. – Scholl, T. – Miller, R. M. – Bhatnagar, S. – Adey, N. – Rubano, T. – Tusneem, N. – Robinson, R. – Feldhaus, J. – Macalima, T. – Oliphant, A. – Briggs, S. (2002): A Draft Sequence of the Rice Genome (*Oryza Sativa* L. Ssp. Japonica). Science. 296, 91-100.
- James, Clive (2003): Global Hectarage of GM Crops in 2002. Biotech Briefs. Vol 3. No. 1 http://www.isaaa.org/kc/Services/Biotech_briefs/brief_files/kc_brief8.htm
- Oberschall Attila – Deák M. – Török K. – Sass L. – Vass I. – Kovács I. – Fehér A. – Dudits D. – Horváth V. G. (2000): A Novel Aldose/Aldehyde Reductase Protects Transgenic Plants Against Lipid Peroxidation under Chemical and Drought Stresses. The Plant Journal. 24, 437-446.
- The Arabidopsis Genome Initiative (2000): Analysis of the Genome Sequence of the Flowering Plant *Arabidopsis Thaliana*. Nature. 408, 796-815.

- Watson, James D. – Crick, Francis H. C. (1953): A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. *Nature*. 171, 737-738.
- Yu, Jun – Hu, S. – Wang, J. – Wong, G. K. S. – Li, S. – Liu, B. – Deng Y. – Dai, L. – Zhou, Y. – Zhang, X. – Cao, M. – Liu, J. – Sun, J. – Tang J. – Chen, Y. – Tong, W. – Cong, L. – Geng, J. – Han, Y. – Li, L. – Li, W. – Hu, G. – Huang, X. – Li, W. – Li, J. – Liu, Z. – Li, L. – Liu, J. – Li, L. – Li, T. – Wang, X. – Lu, H. – Wu, T. – Zhu, M. – Ni, P. – Han, H. – Dong, W. – Ren, X. – Feng, X. – Cui, P. – Li, X. – Wang, H. – Xu, X. – Zhai, W. – Xu, Z. – Zhang, J. – He, S. – Zhang, J. – Xu, J. – Zhang, K. – Zheng, X. – Dong, J. – Zeng, W. – Tao, L. – Ye, J. – Tan J. – Ren, X. – Chen, X. – He, J. – Liu, D. – Tian, W. – Tian, C. – Xia, H. – Bao, Q. – Li, G. – Gao, H. – Cao, T. – Wang, J. – Zhao, W. – Li, P. – Chen, W. – Wang, X. – Zhang, Y. – Hu, J. – Wang, J. – Liu, S. – Yang, J. – Zhang, G. – Xiong, Y. – Li, Z. – Mao, L. – Zhou, C. – Zhu, Z. – Chen, R. – Hao, B. – Zheng, W. – Chen, S. – Guo, W. – Li, G. – Liu, S. – Tao, M. – Wang, J. – Zhu, L. – Yuan, L. – Yang, H. (2002): A Draft Sequence of the Rice Genome (*Oryza sativa* L. Ssp. *Indica*). *Science*. 296, 79-91.

