

Növényi genomika

- Bevezetés - mi is a genomika?
- Növényi genomok szerveződése
- Növényi genomprogramok
- Növényi genomszekvenciák néhány alkalmazása (összehasonlító genomika, génizolálás, translational biology - from model to crops)
- Genetikailag módosított növények

Genomika - bevezetés I.

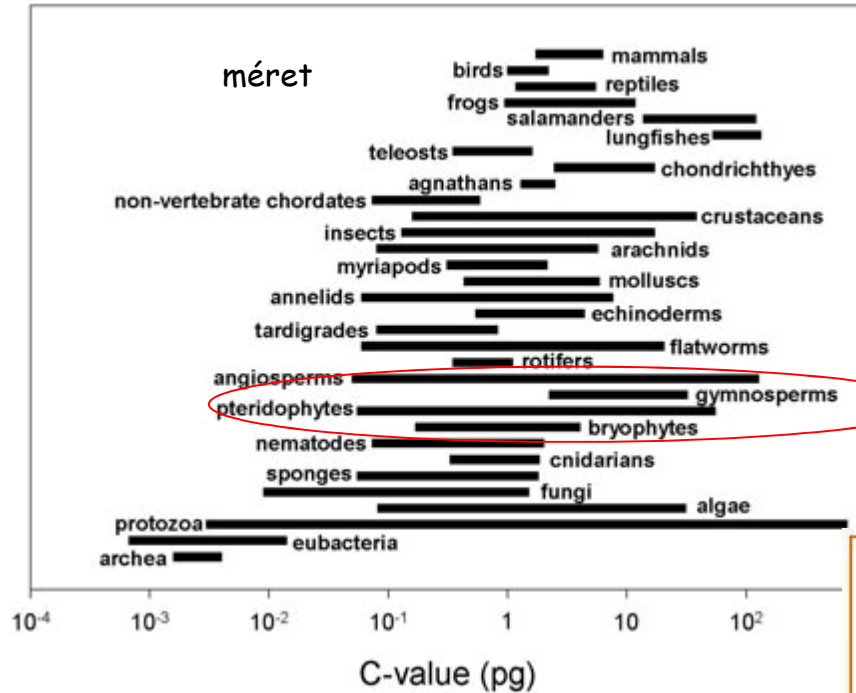
- **Genom:** - a haploid kromoszómaállomány géntartalma (Hans Winker német botanikus, 1920)
 - egy organizmus teljes öröklődő információja
- **Genomika:** - "mapping, sequencing and characterizing genomes" (Thomas Roderick, 1986)
 - egy organizmus teljes örökítő anyagának (nukleáris, mitokondriális, kloroplasztisz DNS-ének), genomszerkezetének és változatosságának vizsgálata és elemzése
- **Funkcionális genomika** - a gének összességének, vagy egy-egy csoportjának a vizsgálata nagy áteresztőképességű kísérletekkel, amelyek vagy a genomszekvencia alapján lettek megtervezve (microarray, SNP), vagy amelyekhez szekvenálást használnak (ChIP-seq, RNA-seq, sRNAseq, methylome, stb.)
 - genom léptékű biológia (nagyobb léptékű DNS, expressziós vagy fehérje vizsgálat) <-> klasszikus molekuláris biológia
- Vizsgálatok **DNS** (strukturális genomika), **RNS** (funkcionális genomika), fehérje (proteomika) és anyagcsere termékek (metabolomika) szintjén - nem teljesen pontos (lsd. pl. SNP analízis - funkcionális genomika)

Genomika - bevezetés II.

- **Újszerű megközelítés:** a teljes genomok ismerete és vizsgálata nagy mennyiségű biológiai információt eredményez
- Ennek az információnak a kiaknázása más szemléletet és új módszereket igényel
- Paradigmaváltás a kutatásban:
 - Klasszikus tudományos kutatási módszer hipotézis alapú
 - Genomika - adatalapú kutatás
 - kísérletek megtervezése a fenotípus alapján
 - adatgenerálás
 - adatfeldolgozás, szisztematikus analízis
 - új hipotézisek felállítása
 - hipotézis igazolása kísérlettel
- **Alapok:**
 - Metodikai háttér kibővülése: új generációs szekvenálási módszerek, nagy volumenű vizsgálati módszerek, eljárások (pl. microarray/gén-chip)
 - Genomszekvenálási projektek (több száz élőlény teljes genomja ismert, és a lista folyamatosan bővül)
 - Bioinformatika
 - nagy mennyiségű adat kezelése
 - új eredmények kinyerése és megjelenítése
 - egyelőre lemaradásban a metodikai fejlesztések mögött (szűk keresztmetszet)

Növényi genomok szerveződése I.

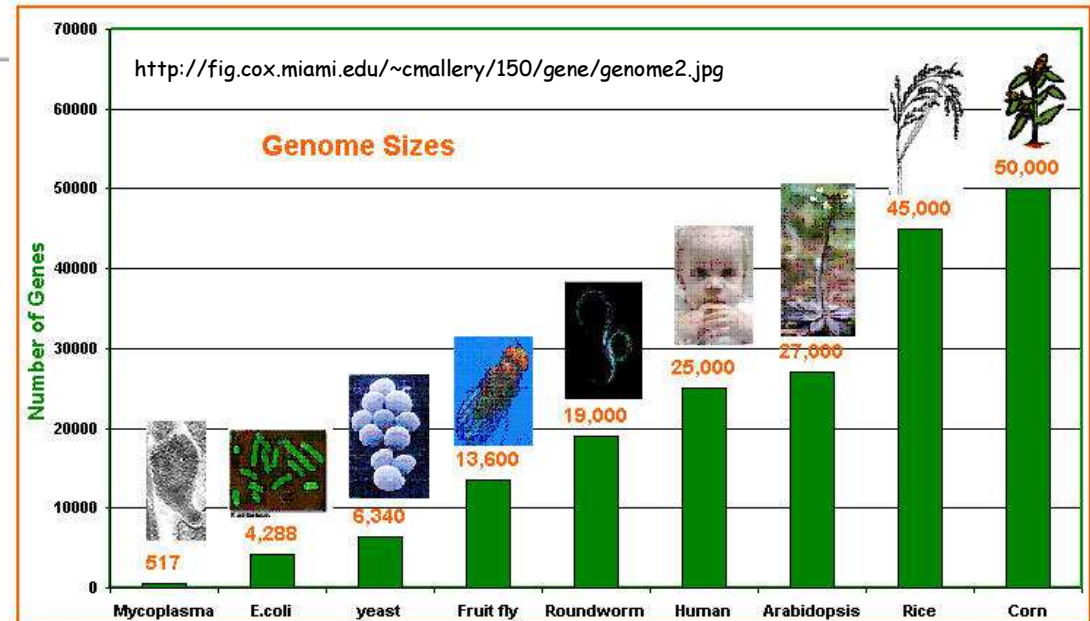
- eukarióta genomok szerveződése komplexebb a prokarióta genomokénál



gének száma növekszik az organizmus fejlettségével (haploid)

| | génszám | haploid genom (Mb) |
|----------------|---------|--------------------|
| <i>E. coli</i> | 4289 | 4,2 |
| élesztő | 6300 | 12,1 |
| fonalféreg | 19000 | 100 |
| muslica | 14000 | 180 |
| Arabidopsis | 26000 | 125 |
| kukorica | ~58000 | 2500 |
| emlős | ~35000 | 3000 |

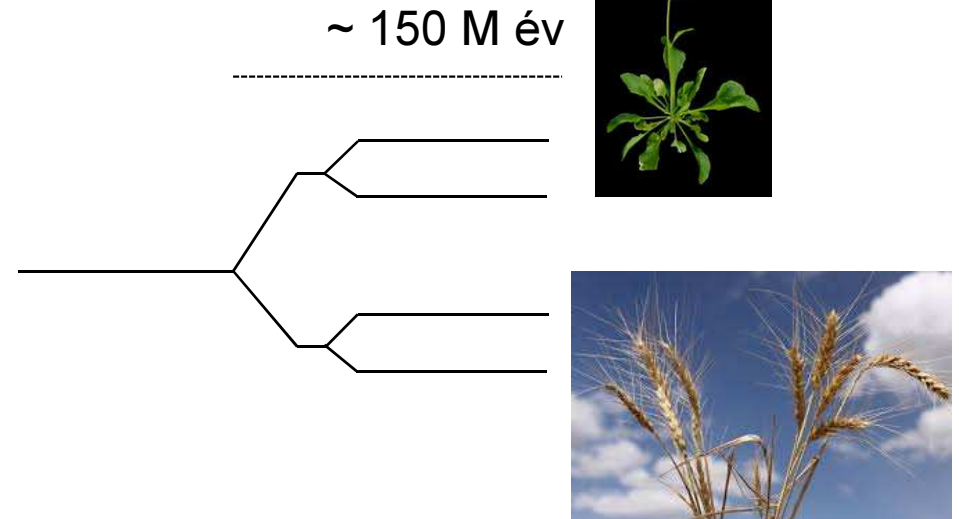
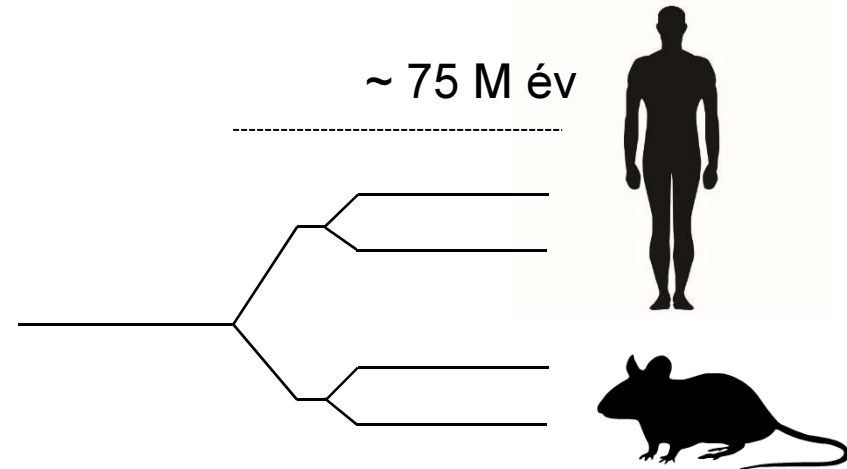
3,2x (between E. coli and élesztő)
2,5x (between élesztő and fonalféreg)
43x (between élesztő and Arabidopsis)
16,6x (between Arabidopsis and kukorica)



Növényi genomok szerveződése II.

szerveződés:

- kromoszómákba „darabolva” (4 - 224)
relatív vagy ténylegesen alacsony géndenzitás
intronok (törzsfajlódással párhuzamosan számuk és méretük/sejt növekszik)
- duplikációk (WGD, géncsaládok, pszeudogének, nagy géncsaládok, kromoszóma szegmentek)
- poliploidia
- (retro)transzpozonok (gypsy/copia-like)
- repetitív szekvenciák, mini/mikro szatellit szekv.
- mtDNS (200 - 2500 kb növényekben)



Növényi genomok szerveződése III.

- növényi genomok összetettebbek (3 genom)

- kloroplaszt genom (10 - >100 kópia/sejt, 60-100 génszám/mol., 120-160 kb)
- genomméretek (Mb)

| | <u>sejtmag (Mb)</u> | <u>kloroplaszt</u> | <u>mitokondrium</u> |
|------------------------------|---------------------|--------------------|---------------------|
| Arabidopsis thaliana | 125 | 0,156 | 0,370 |
| Kukorica (<i>Zea mays</i>) | ~ 2500 | 0,136 | 0,570 |
| Lóbab (<i>Vicia faba</i>) | ~ 14000 | 0,120 | 0,290 |
| Humán | ~ 3000 | - | 0,016 |

- Génduplikációk/géncsaládok (tandem duplikáció, áthelyeződés, szegmentális duplikáció, teljes genom duplikáció (WGD))

Proportion of genes in different organisms present as either singletons or in paralogous families.

| Species | No of genes* | Unique gene families containing | | | | | |
|------------------------|--------------|---------------------------------|--------------|-------|--------------|------|--------------|
| | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | > 5 member |
| <i>H. influenzae</i> | 1,587 | 88.8% | 6.8% | 2.3% | 0.7% | 0.0% | 1.4% |
| <i>S. cerevisiae</i> | 5,105 | 71.4% | 13.8% | 3.5% | 2.2% | 0.7% | 8.4% |
| <i>D. melanogaster</i> | 10,736 | 72.5% | 8.5% | 3.4% | 1.9% | 1.6% | 12.1% |
| <i>C. elegans</i> | 14,177 | 55.2% | 12.8% | 4.5% | 2.7% | 1.6% | 24.0% |
| <i>Arabidopsis</i> | 11,601 | 35.0% | 12.5% | 7.0% | 4.4% | 3.6% | 37.4% |
| <i>G.max</i> (soybean) | 201 | 35.0% | 25.0% | 10.4% | 10.4% | 4.5% | 15% |

* The number of genes in the genomes of *Haemophilus influenzae*, *S. cerevisiae*, *Drosophila*, *C. elegans*, *Arabidopsis* and *Glycine max* that were present either as singletons or in gene families with two or more members were listed. To be grouped in a gene family, two genes had to show similarity exceeding a BLASTP value E,10⁻²⁰ and a FASTA alignment over at least 80% of the protein length or hybridize at 65 C and 0.1 M ionic strength (T_m - 25). In column 1, the number of genes that were unique plus the number of gene families were listed. Columns 2 to 6 give the percentage of genes present as singletons or in gene families of n members (from TAIR 2000).

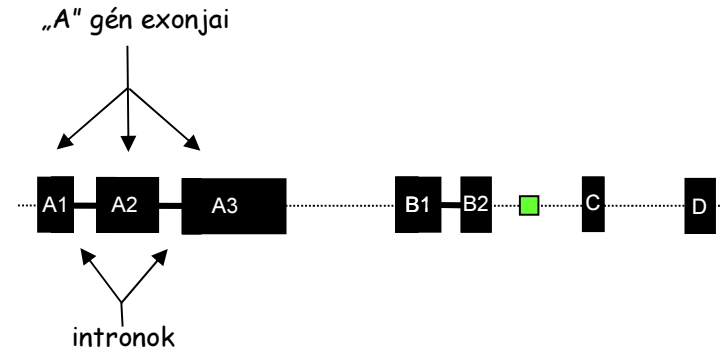
Shopinski *et al. Plant Methods* 2006 2:20 doi:10.1186/1746-4811-2-20

- Poliploidizáció

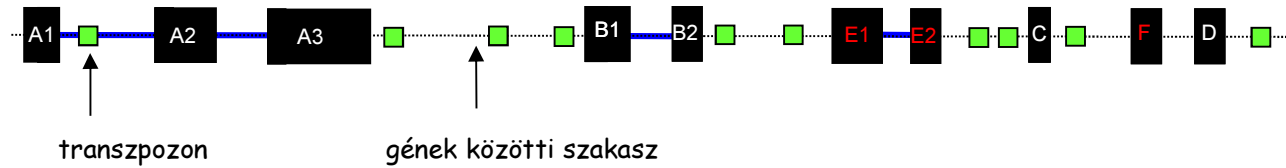
Növényi genomok szerveződése IV.

- Fiktív példa genomméret növekedésre

Arabidopsis (125 Mb, ~ 26 000 gén)

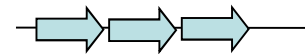


kukorica (2500 Mb,
~ 58 000 gén)

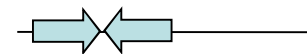


- repetitív szekvenciák

tandem ismétlődés

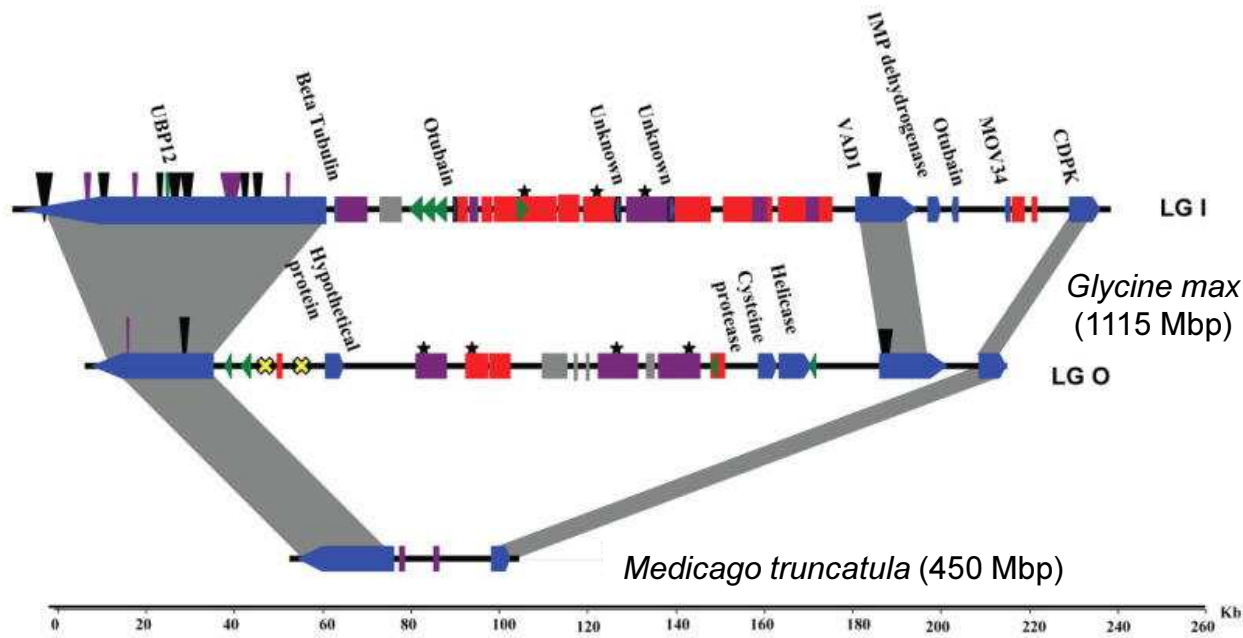


fordított ismétlődés

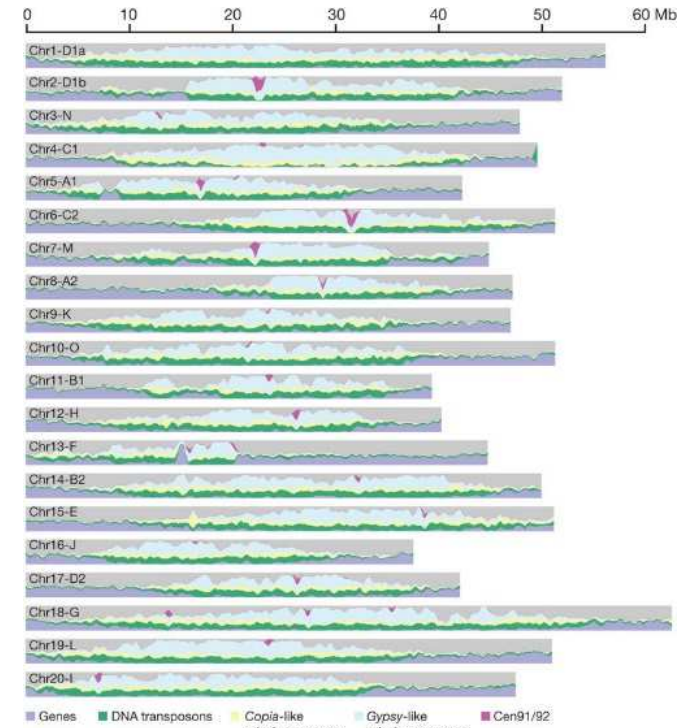


Növényi genomok szerveződése V.

- Konkrét példa genomméret növekedésre



Joseph et al. 2009 The Plant Genome

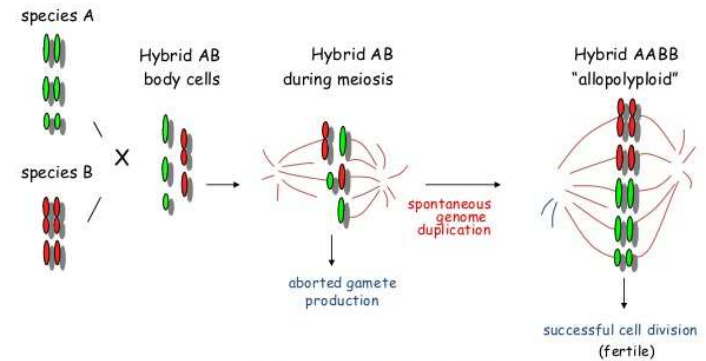


Schmutz et al. 2010 Nature

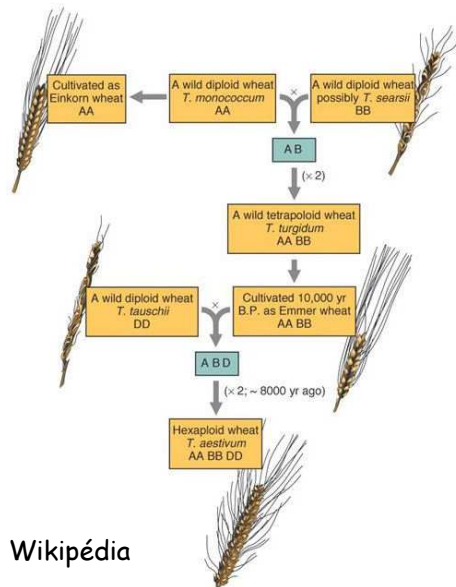
Növényi genomok szerveződése V. Kromoszómakészlet többszöröződése (poliploidizáció)

- alloplóidia: genetikailag elhatárolható kromoszómák, pl. búza allohexaploidia (AABBDD) vagy Brassica

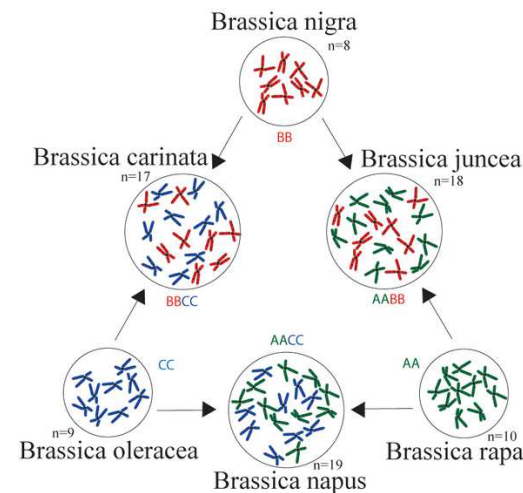
Allopolyploidy arises from hybridization plus genome duplication



Duplicated genomes are fertile !!
Botanical term: Allopolyploids



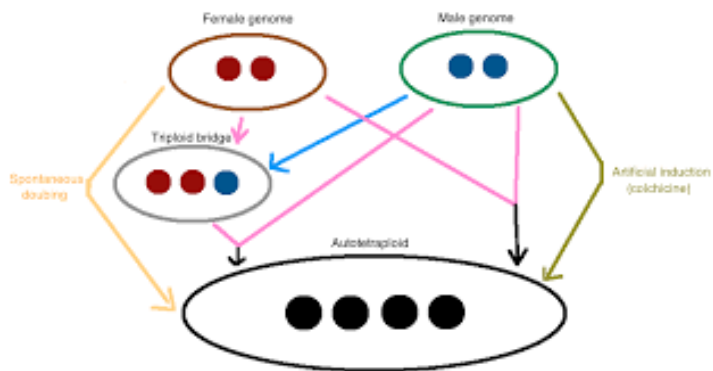
Forrás: Wikipédia



- Brassica nigra* - fekete mustár
- B. carinata* - etióp mustár
- B. juncea* - barna v. indiai mustár
- B. oleracea* - vadkáposzta (káposzta, brokkoli, karfiol, karalábé)
- B. napus* - repce
- B. rapa* - tarlórépa

Növényi genomok szerveződése VI. Poliploidizáció

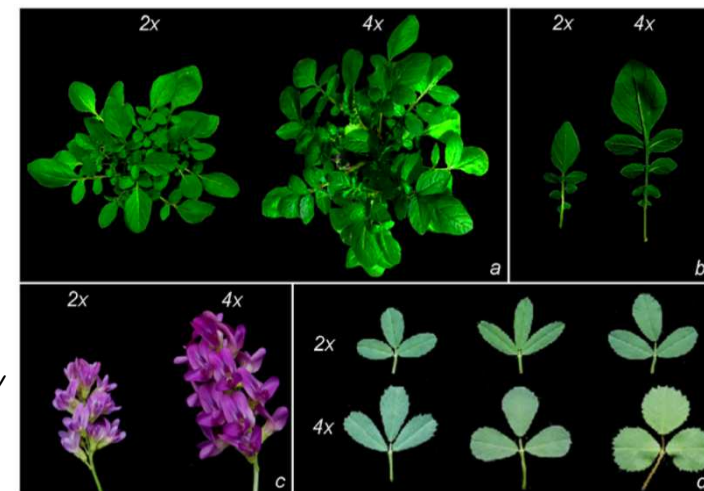
- autopoloidia: egy alap-kromoszómakészlet sokszorozódása, pl. tetraploid lucerna és burgonya



Solanum commersonii

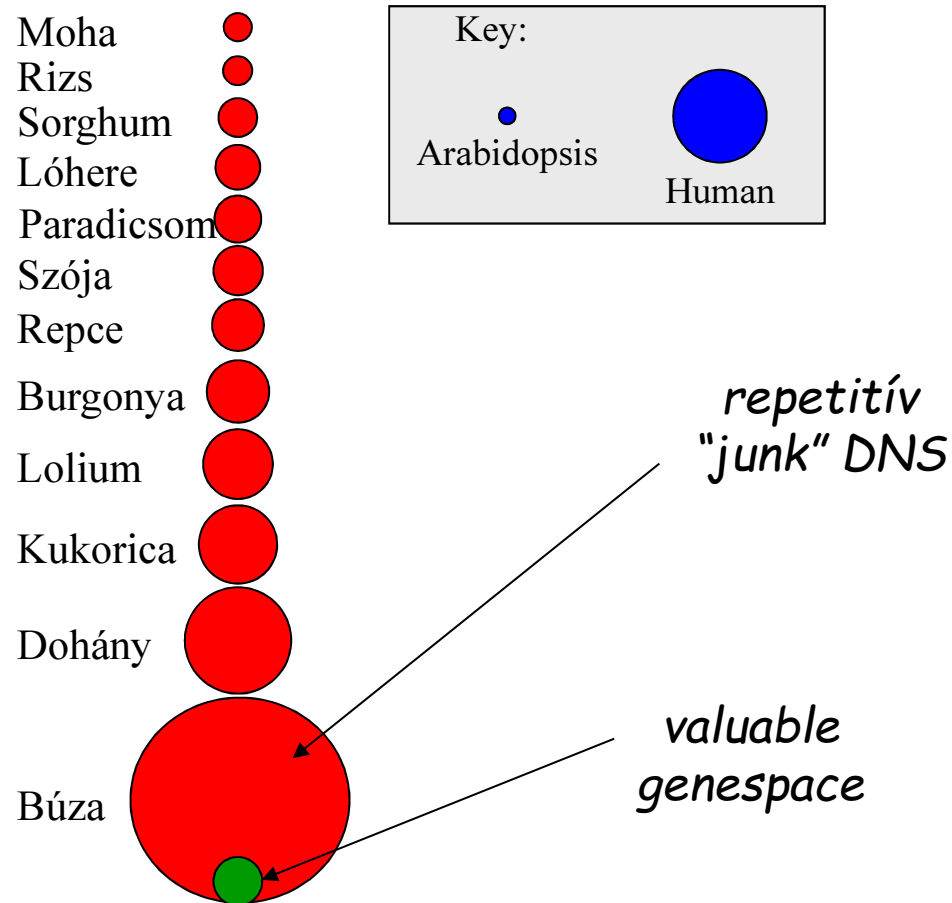
Medicago sativa ssp. *coerulea*/
M. sativa ssp. *sativa*

Aversano et al. 2012



Növényi genomok szerveződése VII.

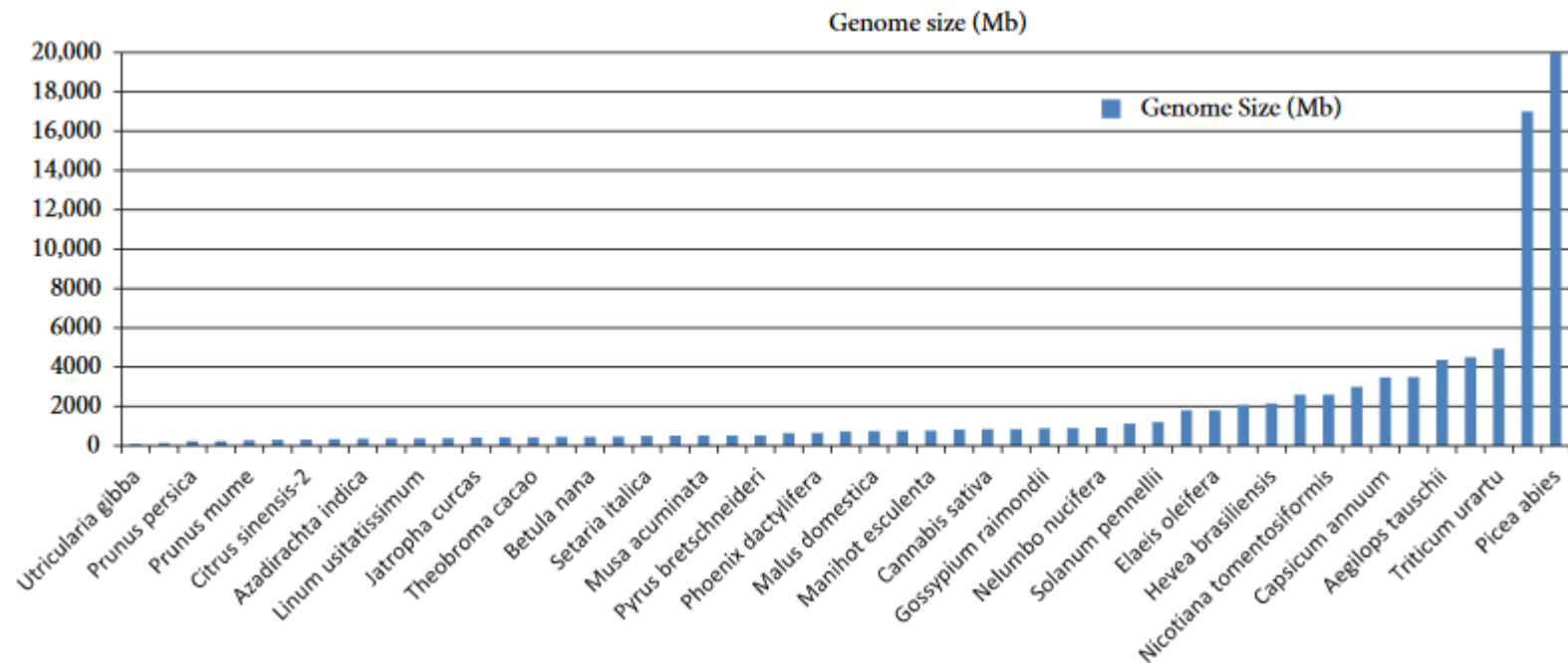
Relatív genomméret



- Legkisebb genom: *Genlisea aurea* (rovarevő) 63 Mbp
- Legnagyobb genom: *Paris japonica* 148000 Mbp, $8n=40$ (négy faj allopoliploid hibridje)
- Legkisebb publikált genomszekvencia: rovarevő renceféle (*Utricularia gibba*) 82 Mbp,
- Legnagyobb publikált genomszekvencia: norvég lucfenyő (*Picea abies*) 19 600 Mbp
- Egyéb nagyméretű publikált genomszekvencia: kukorica - 2300 Mbp
- Paprika - 3300 Mbp
- Átlagos növényi genomméret: 480 Mbp

Növényi genomok szerveződése VIII.

- Legkisebb publikált genomszekvencia: rovarrevő renceféle (*Utricularia gibba*) 82 Mbp,
- Legnagyobb publikált genomszekvencia: norvég lucfenyő (*Picea abies*) 19 600 Mbp



A genomanalízis főbb lépései

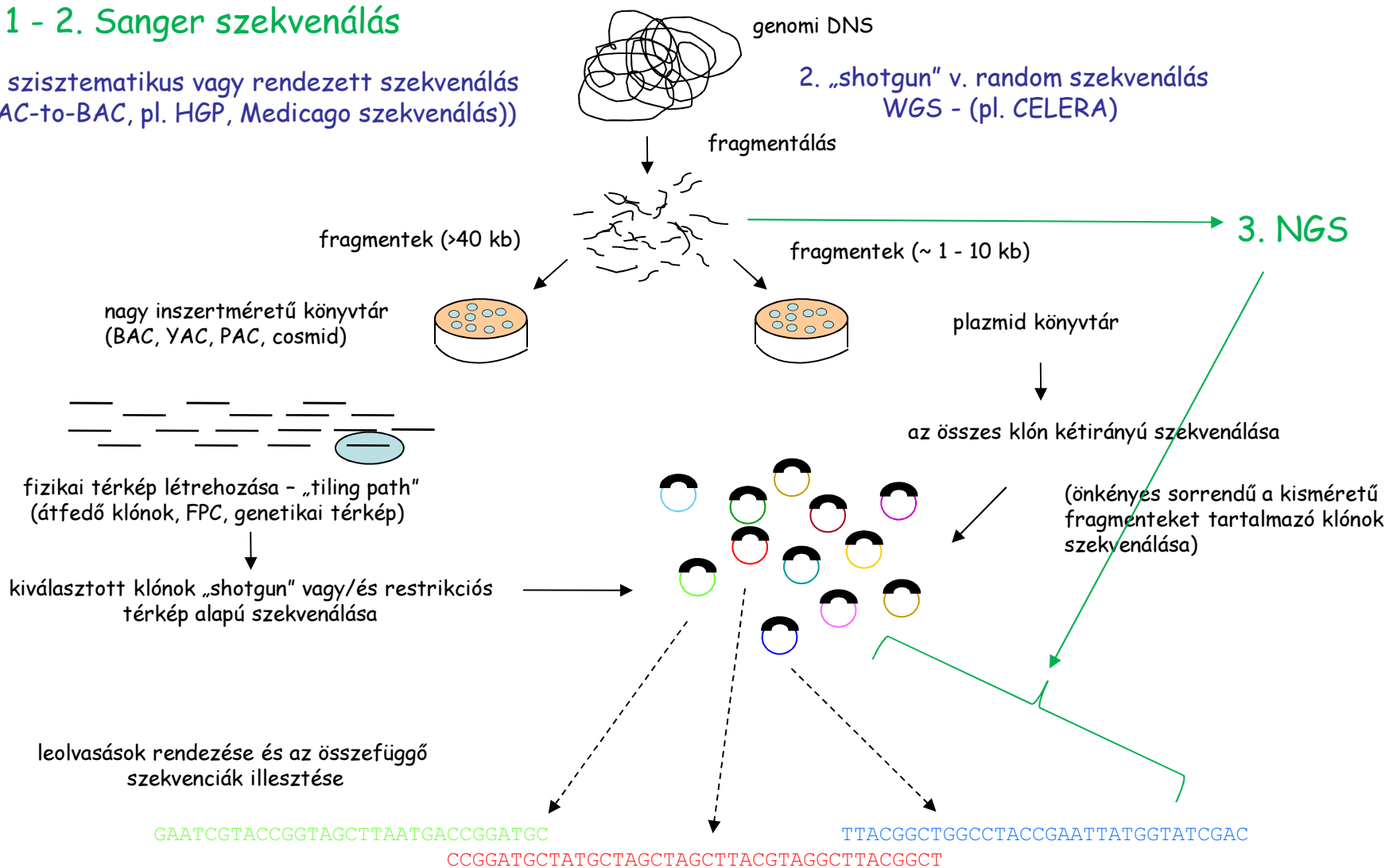
- **Növényi genomprogramok** („mint az állatok esetében csak kicsit máshogyan és lassabban”)
 - növényi alapanyag: referencia faj/vonal, beltenyésztett vonalak, mutánsgyűjtemény, természetes ésvad változatok, stb.
 - DNS-szintű vizsgálatok: genetikai térképezés
fizikai térképezés
genomszekvencia meghatározása, összeszerelése
genomszekvencia analízise (kódoló és nem kódoló gének, génannotáció, ismétlődő szekvenciák, SNP, összehasonlító térképezés, duplikációk azonosítása, stb.)
 - RNS-szintű vizsgálatok: EST szekvenálás, teljes cDNS szekv./RNAseq, alternatív splicing, microarray/gén-chip, géntlasz
 - fehérjeszintű vizsgálatok: lokalizáció, ChIP, fehérje-fehérje interakciók vizsgál., teljes fehérje összetétel, fehérje komplexek vizsgál., poszttranszlációs módosulások
 - funkcionális vizsgálatok: loss-of-function technikák (mutáció, TILLING, RNAi)
episztázis vizsgálatok (gének ill. géntermékek hierarchiája), szabályozás vizsgálata
gain-of-function technikák (ha van rá lehetőség)
 - metabolika: nagyléptékű anyagcsere vizsgálatok, kémiai „fingerprint”
 - funkcionális génannotáció: ismeretlen gének funkciójának azonosítása
 - evolúciós modellezés

Genomszekvenálási stratégiák I.

1 - 2. Sanger szekvenálás

1. szisztematikus vagy rendezett szekvenálás
(BAC-to-BAC, pl. HGP, Medicago szekvenálás))

2. „shotgun” v. random szekvenálás
WGS - (pl. CELERA)



Genomszekvenálási stratégiák II.

```

<-- GAATCGTACCGGTAGCTTAATGACCGGATGC          <-- TTACGGCTGGCCTACCGAATTATGGTATCGAC
GAATCGTACCGGTAGCTTAATGACCGGATGC -->          TTACGGCTGGCCTACCGAATTATGGTATCGAC -->
          CCGGATGCTATGCTAGCTAGCTTACGTAGGCTTAGGGCT -->
<-- CCGGATGCTATGCTAGCTAGCTTACGTAGGCTTAGGGCT
          <-- TTACGTAGGCTTACGGCTGGCCTACCGAA
          TTACGTAGGCTTACGGCTGGCCTACCGAA -->
          <-- GCTGGCCTACCGAATTATGGTATCGACCTGACC
          GCTGGCCTACCGAATTATGGTATCGACCTGACC -->

GAATCGTACCGGTAGCTTAATGACCGGATGCTATGCTAGCTAGCTTACGTAGGCTTACGGCTGGCCTACCGAATTATGGTATCGACCTGACC
    
```

kész szekvencia - minden szál kb. 4-szer szekvenálva, 8X lefedettség

Szisztematikus szekvenálás

Random szekvenálás

Előnyök

- minden egyes lépésnél tudjuk hol járunk a genomban
- kevesebb hiba az összeszerelés során, összeszerelés viszonylag egyértelmű (ismert térkép és kontig pozíció)
- lehetőség a génekben gazdag régiók szekvenálására

- a szekvencia összeszerelése későbbi fázisában derül ki, hogy a genom mely részét szekvenáljuk

- nagyobb esély a hibás összeszerelésre (pl. duplikációk, repetitív szekvenciák - gabonafélék)
- automatizálható
- kisebb genomok esetén hatékonyabb, nagyobbak esetén problémásabb

Hátrányok

- költségesebb és munkaigényesebb
- lassabb

- kevésbé költséges és munkaigényes
- gyorsabb
- hatalmas klónkönyvtárat igényel
- nagy számítógép-kapacitást igényel

Genomszekvenálási stratégiák III.

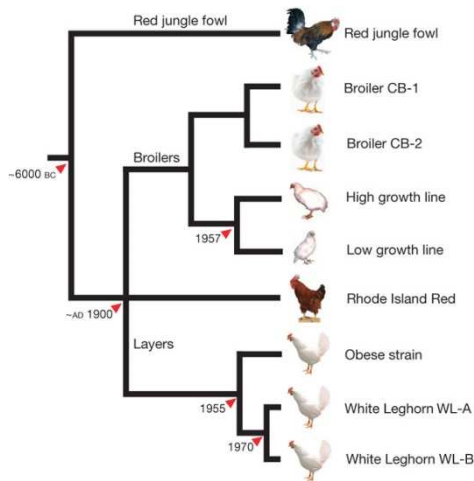
Alternatív megközelítések:

- nem teljes genomszekvenálás

- klónozás DNS frakcionálást követően (a gyakori fragmentek mennyiségének csökkentése RE emésztést követően)
- egyes kromoszómák izolálása
- gén gazdag régiók feldúsítását követően (kevésbé metilált alacsony kópiás régiók, CoT analízis)

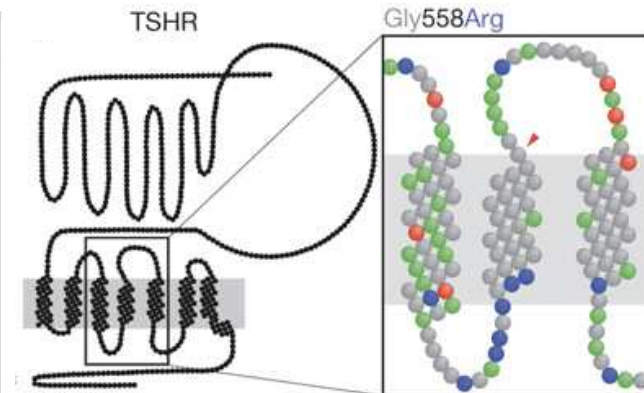
- Re-sequencing <-> de novo sequencing

- genetikai eltérések keresése és variációk azonosítása (SNPs, INDELs) egész genomban vagy genom részletekben
- referencia szekvencia szükséges
- új generációs szekvenálási módszerek
- humán genom SNP map (Nature 2000), C. Venter és J. Watson (PlosBiol 2007 and Nature 2008)
- 1000 humán genom diverzitásának meghatározása (Science 2008)
- Arabidopsis Col-0, Bur-0 és Tsu-1 - 2000 hiba a referencia genomban, 800 000 SNP és 80 000 INDEL azonosítása
- SNP azonosítás rizs és *Medicago truncatula* genotípusokban (30 *M. truncatula* genotípus szekvencia - 2010)
- 25 vad és 25 termesztett rizs alacsony lefedettségű genomszekvenálása - eltérés génekben és fenotípusban
 - Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont, Gödöllő - mangalica - házisertés (Duroc)
- a tyúkháziasítás genetikai hátterének felderítése genomikai módszerekkel (SOLID: -7 millió SNP, 1300 INDEL)




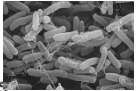












thyroid stimulating hormone receptor - a szaporodás fotoperiódusos szabályozása

| MLGGWLS | CFLLALL | PLVGVSSYS | KVSI | ICL | |
|---------|---------|-----------|------|-----|------------------|
| | | | R | | Red jungle fowl |
| | | | | | Domestic chicken |
| | | | | | Zebra finch |
| | | | | | Human |
| | | | | | Macaque |
| | | | | | Mouse |
| | | | | | Horse |
| | | | | | Domestic pig |
| | | | | | Dog |
| | | | | | Cow |
| | | | | | Frog |
| | | | | | Cichlid |
| | | | | | Bass |
| | | | | | Salmon |
| | | | | | Catfish |
| | | | | | Sea lamprey |

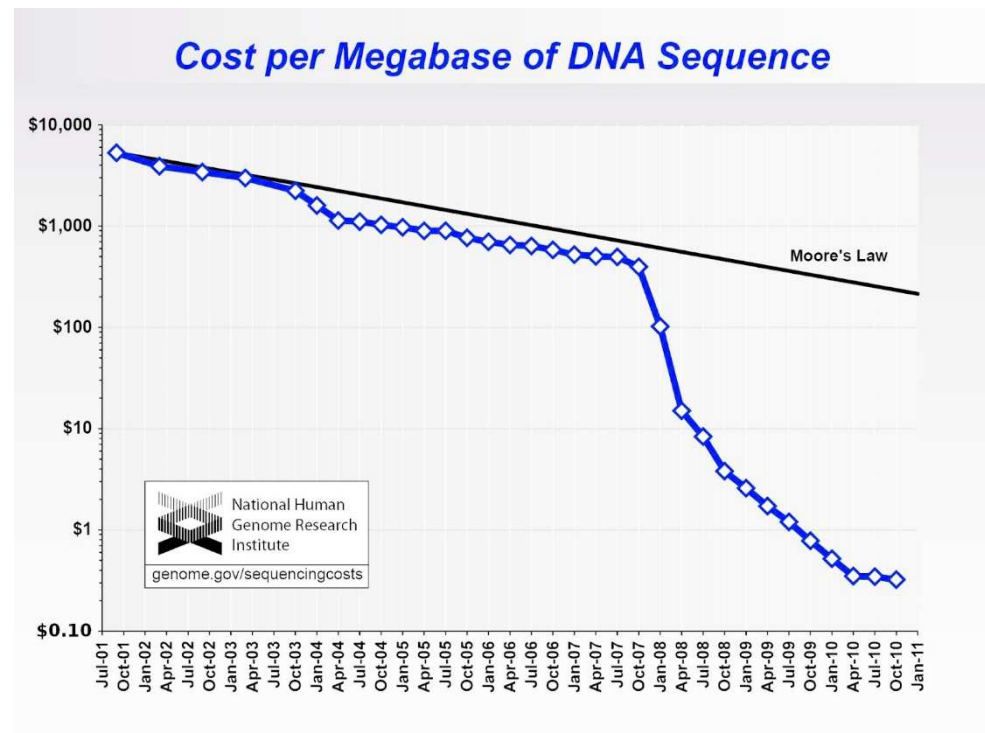
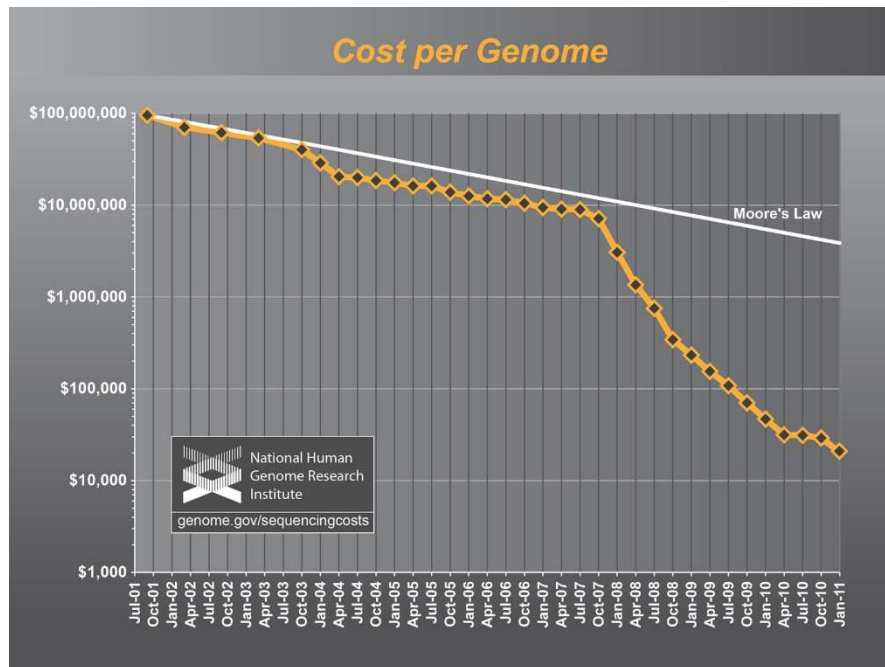


Mérőföldkövek a genomszekvenálásokban

| Organizmus/genom | Haploid genomméret (Mb) | Haploid kromoszóma-szám | Kromoszóma-szám | Gének száma | Genomszekvenancia | | | Megjegyzés |
|--|---|-------------------------|-----------------|-------------|-------------------|---|--------------------|---|
| | | | | | közlés | labor | módszer | |
|  ϕ X174 bakteriofág | 0,005 | cirkuláris | | 11 | 1977 | Sanger et al. | | első megszekvenált organizmus |
| Humán mtDNS |  0,016 | 1 cirkuláris | | 37 | 1981 | Sanger et al. | | |
|  <i>Haemophilus influenzae</i> | 1,8 | 1 cirkuláris | | 1 743 | 1995 | TIGR | shotgun | első megszekvenált baktérium |
|  <i>Escheria coli</i> K-12 | 4,2 | 1 cirkuláris | | 4 290 | 1997 | U. Wisconsin, Madison | shotgun | |
|  sörélesztő (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>) | 12,1 | 16 | 2n=32 | 5 770 | 1996 | konzorcium | térképezés | első teljesen megszekvenált eukarióta genom |
|  fonálféreg (<i>Caenorhabditis elegans</i>) | 100 | 6 | 2n=12 | 18 424 | 1998 | konzorcium | térképezés | első teljesen megszekvenált többsejtű genom |
|  ecetmuflca (<i>Drosophila melanogaster</i>) | 180 | 4 | 2n=8 | 13 601 | 2000 | UC Berkley Celera Genomics | shotgun/BAC térkép | |
|  human (<i>Homo sapiens</i>) | 3 000 | 23 | 2n=46 | ~ 30 000 | 2000 | Human Genome Project & Celera Genomics | shotgun/térképezés | |
|  lúdfű (<i>Arabidopsis thaliana</i>) | 125 | 5 | 2n=10 | ~25 000 | 2000 | konzorcium | shotgun/BAC térkép | első megszekvenált növényi genom |
|  rizs (<i>Oryza sativa</i>) | 389 | 12 | 2n=24 | ~ 28 000 | 2005 | konzorcium | shotgun/BAC térkép | első megszekvenált egyszikű |
| új generációs szekvenálási módszerek megjelenése | | | | | 2005 | | | |
|  nyárfa (<i>Populus trichocarpa</i>) |  485 | 19 | 2n=38 | ~ 45 000 | 2006 (draft seq) | konzorcium | shotgun/BAC térkép | első megszekvenált fa |
|  kukorica (<i>Zea mays</i>) | 2 500 | 10 | 2n=20 | ~ 32 000 | 2009 (draft seq) | konzorcium | shotgun/BAC térkép | |
|  <i>Physcomitrella patens</i> (moss sp.) | 520 | 27 | | ~ 36 000 | 2008 | konzorcium | shotgun | |
| grandiózus szekvenálási projektek meghirdetése | | | | | 2010 | humán 1000 genomprojekt, 100 Solanaceae projekt, 1000 növényi és állati genom projekt, stb. | | |

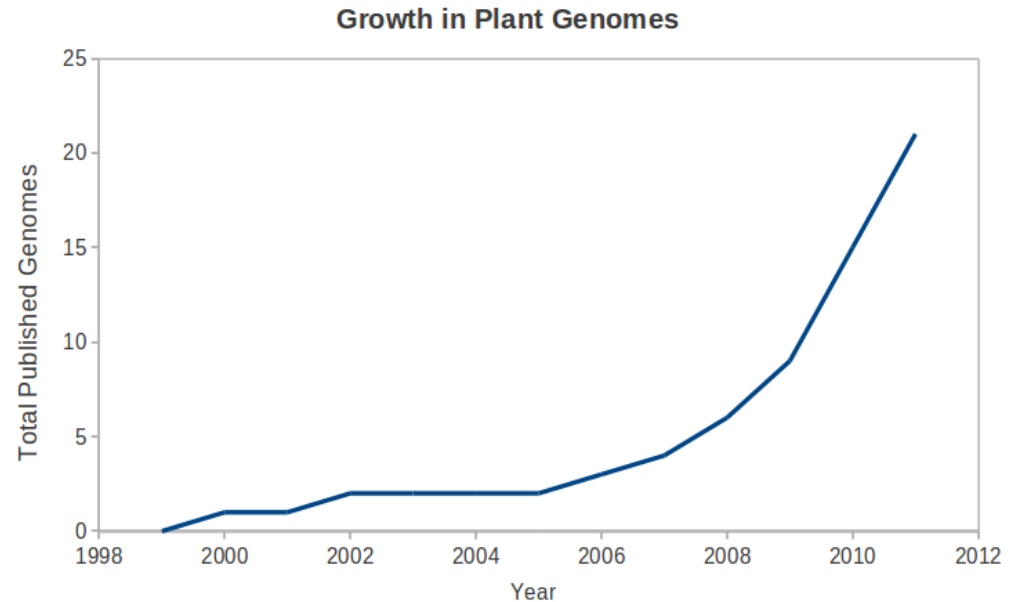
Növényi genomszekvenálási projektek áttekintése I. (2013)

- az utóbbi 10 évben a szekvenálási költségek kb. 10 000-szeresére csökkentek → hamarosan nagy komplex genomok előzetes genomszekvenciájának meghatározására is lehetőség nyílik (*Triticea* 5-17Gb, *Pinus* spp. 18-40 Gb)

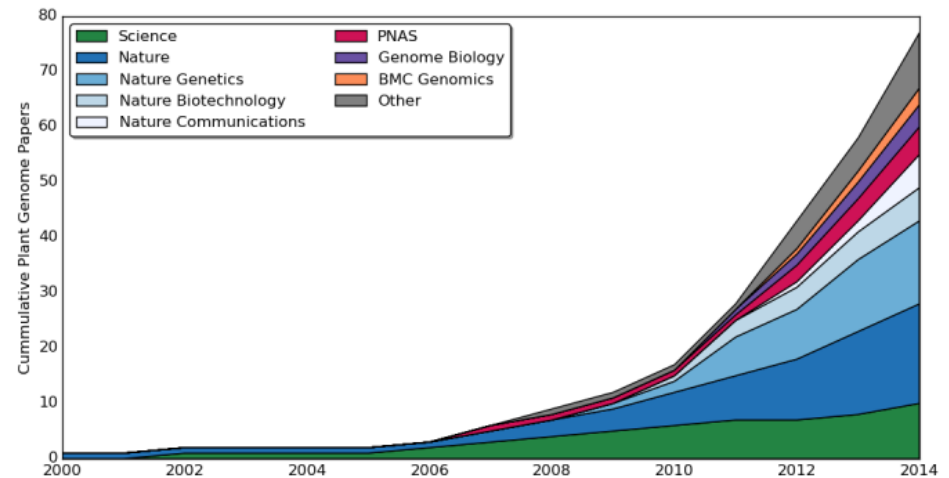


Növényi genomszekvenálási projektek áttekintése II. (2017)

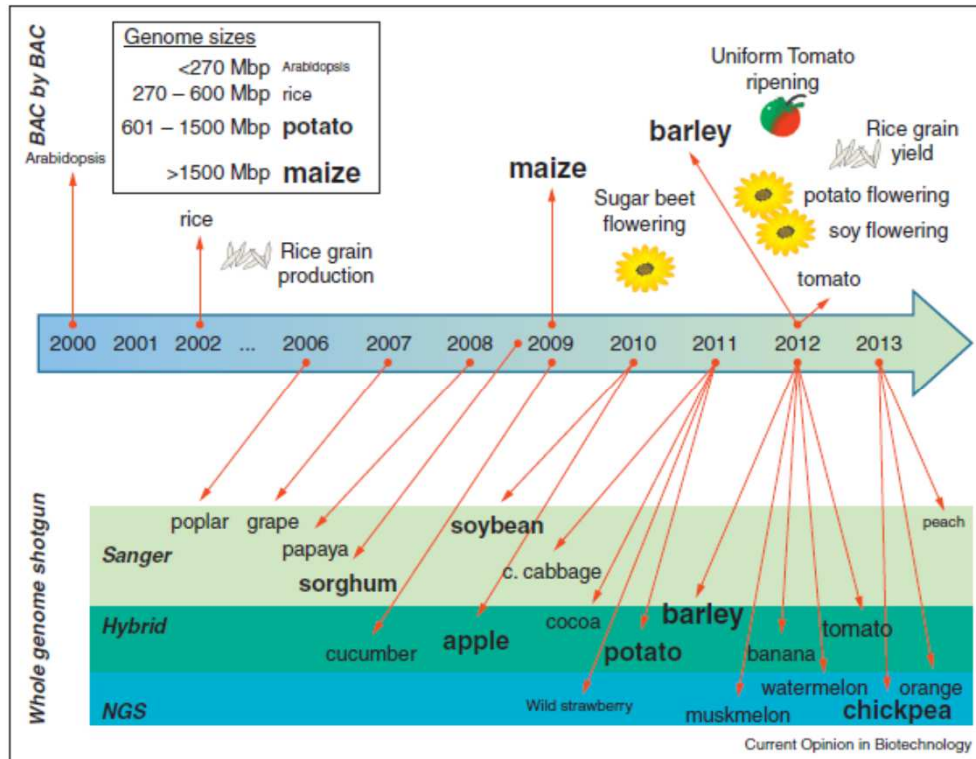
- 19 növényfaj 25 genomszekvenciája publikus, 15 folyamatban vagy pedig nem publikus (http://genomevolution.org/wiki/index.php/Sequenced_plant_genomes, TIPS 2011, Plant Journal 2012)
- 2017 - 115 növényfaj genomja ismert teljesen vagy majdnem teljesen



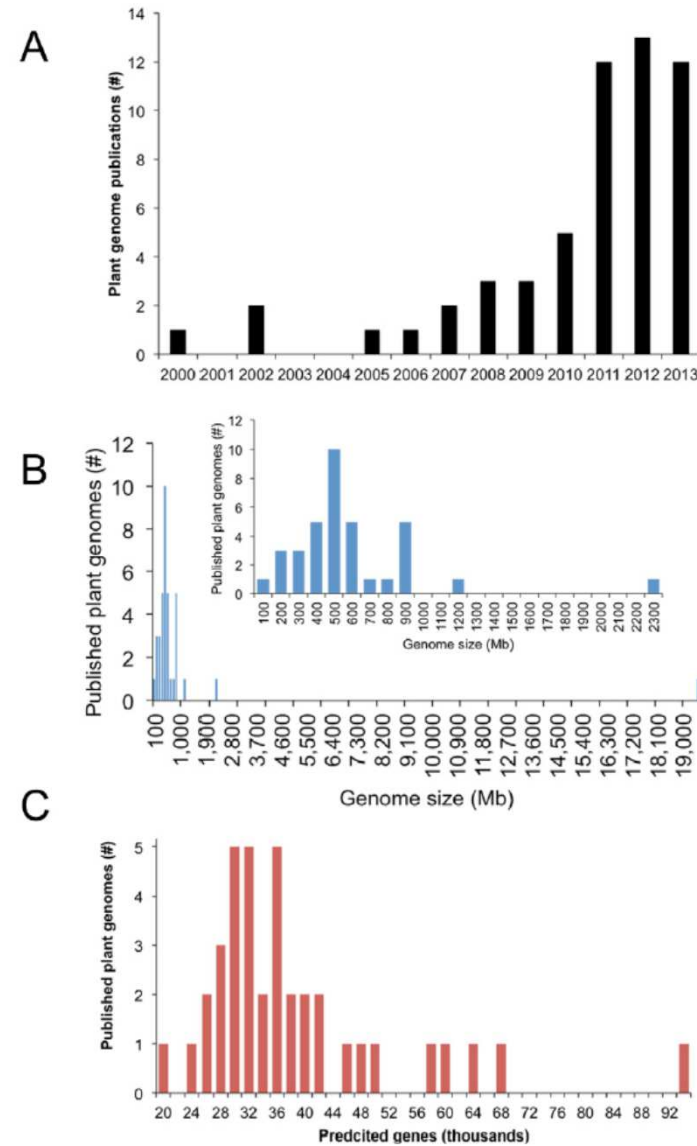
- Algák, mohák, páfrányok - 23 faj
- Magasabb rendű növények:
 - zárvatermők: > 67 kétszikű; > 22 egyszikű
 - nyitvatermők: legalább 3 faj



Növényi genomszekvenálási projektek fontosabb állomásai



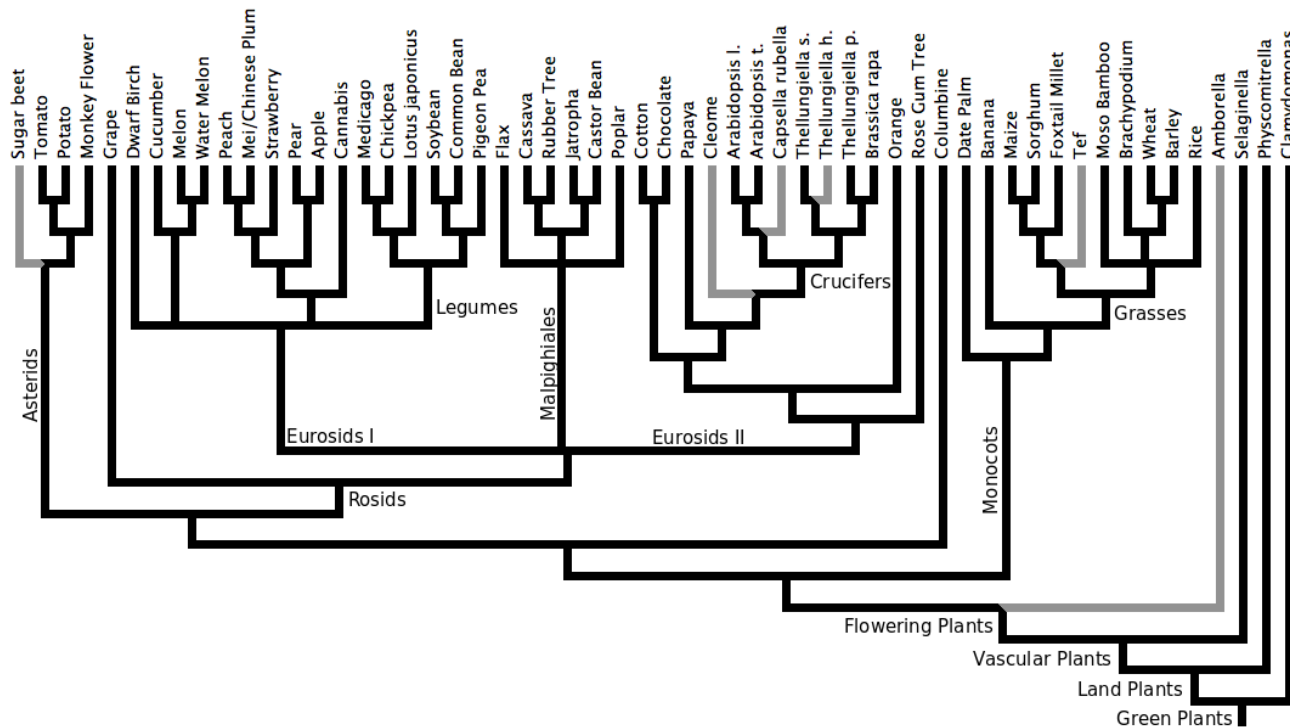
Bolger et al. 2014.



T.P Michael and S. Jackson 2013.

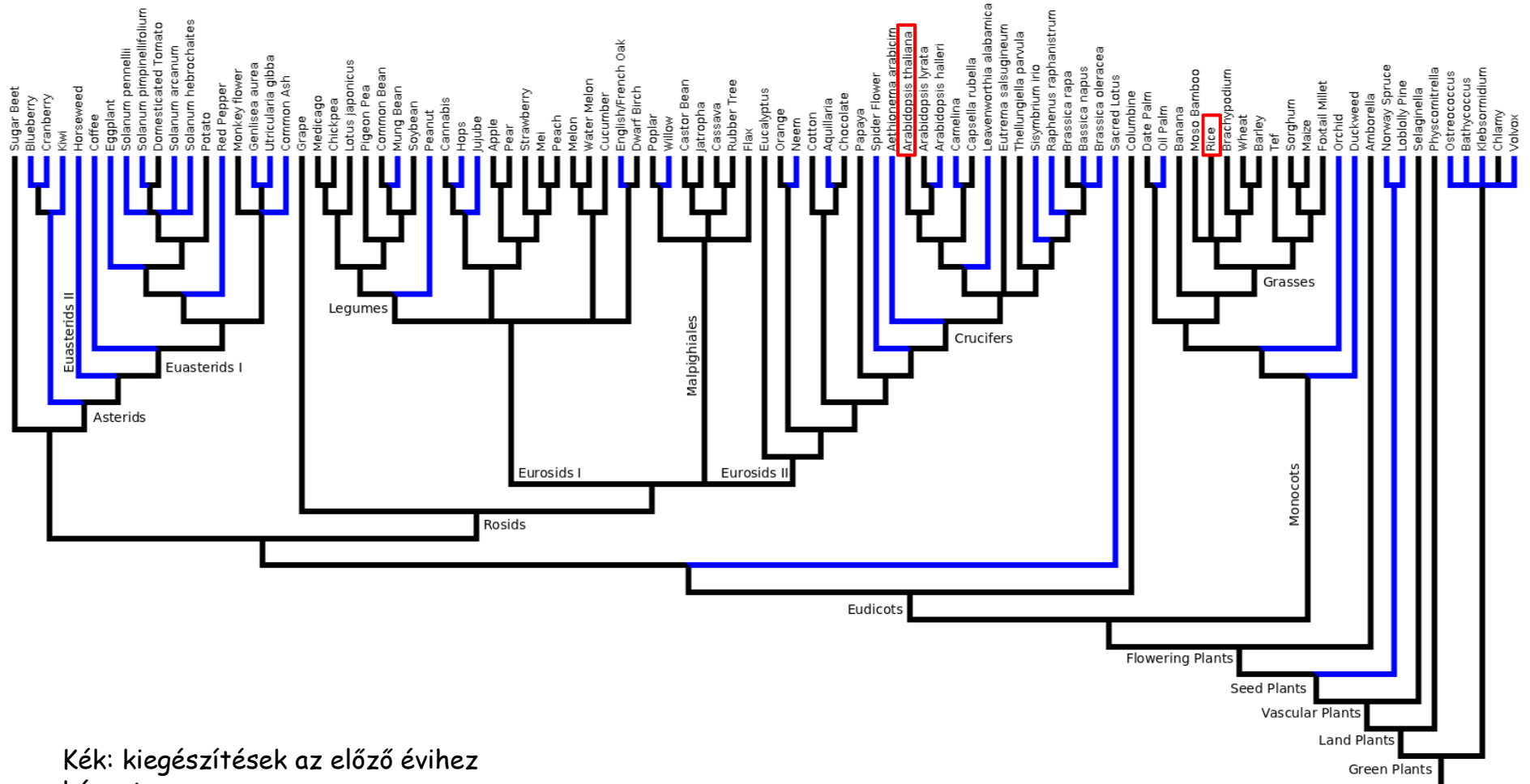
Növényi genomszekvenálási projektek áttekintése III.

- főbb genomszekvenálási szempontok:
 - növénybiológiai modellnövény (*A. thaliana*, *Brachypodium distachyon*, *Medicago truncatula*)
 - haszonnövény (rizs, szója, kukorica, szőlő, stb.)
 - evolúciós vizsg. (pl. *Amborella trichopoda* - legkorábbi zárvatermő)
 - molekuláris eszköz a növénynemesítésben
- csak a rizs genomszekvenciájának minősége éri el az *Arabidopsis* szekvenciáét



Fekete: publikált genomszekvencia
Szürke: nem elérhető vagy
kezdetleges állapotú genomszekv.

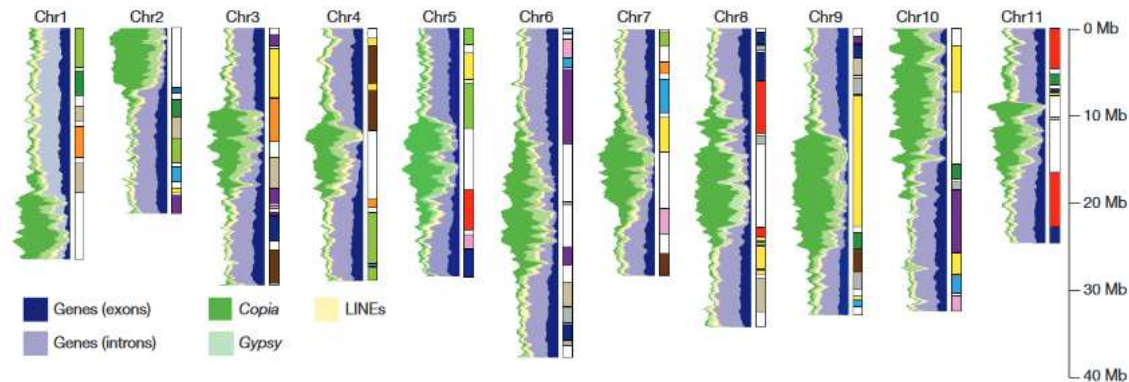
Növényi genomszekvenálási projektek áttekintése IV.



Kék: kiegészítések az előző évihez képest
2014 ősz

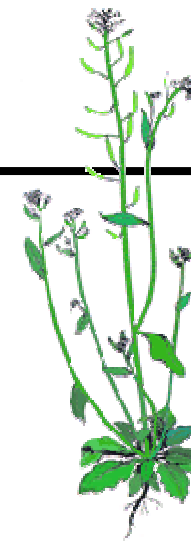
Növényi genomszekvenálási projektek áttekintése IV.

- a növényi genomok számos tulajdonsága komoly kihívást jelent a genomszekvenálás során
 - Méret: fenyőfélék átlag 7,9 Gb (legkisebb is akkora mint a kukorica genomja)
 - Komplexitás: ploidia ($2n - 8n$), repetitív elemek ($\sim 10\%$ Arabidopsis, $>80\%$ búza), heterozigótaság (szőlő, lucerna)
- két legnagyobb, sok repetitív szekvenciában dús genom szekvenálása folyik (kukorica 2,5 Gb, szója 1,1 Gb), ezek egyelőre nem teljesek (80-85%) (BAC-to-BAC szekvenálás kukoricában)
- problémák a valódi poliploidok genomszekvenciájának összeszerelésében (banán, burgonya, gyapot, búza, cukorrépa) → *Mussa acuminata* genom szekvencia



- N50 - a genom-összeszerelés minőségét jelző szám: a kontigok és scaffoldok hossza 50%-os genom összeállítás esetén (legjobb Sorghum 62,4 Mb, *Brachypodium distachyon* 59,3 Mb, szója 47,8 Mb, köles 47,3 Mb)

Arabidopsis thaliana (lúdfű) genom projekt I.



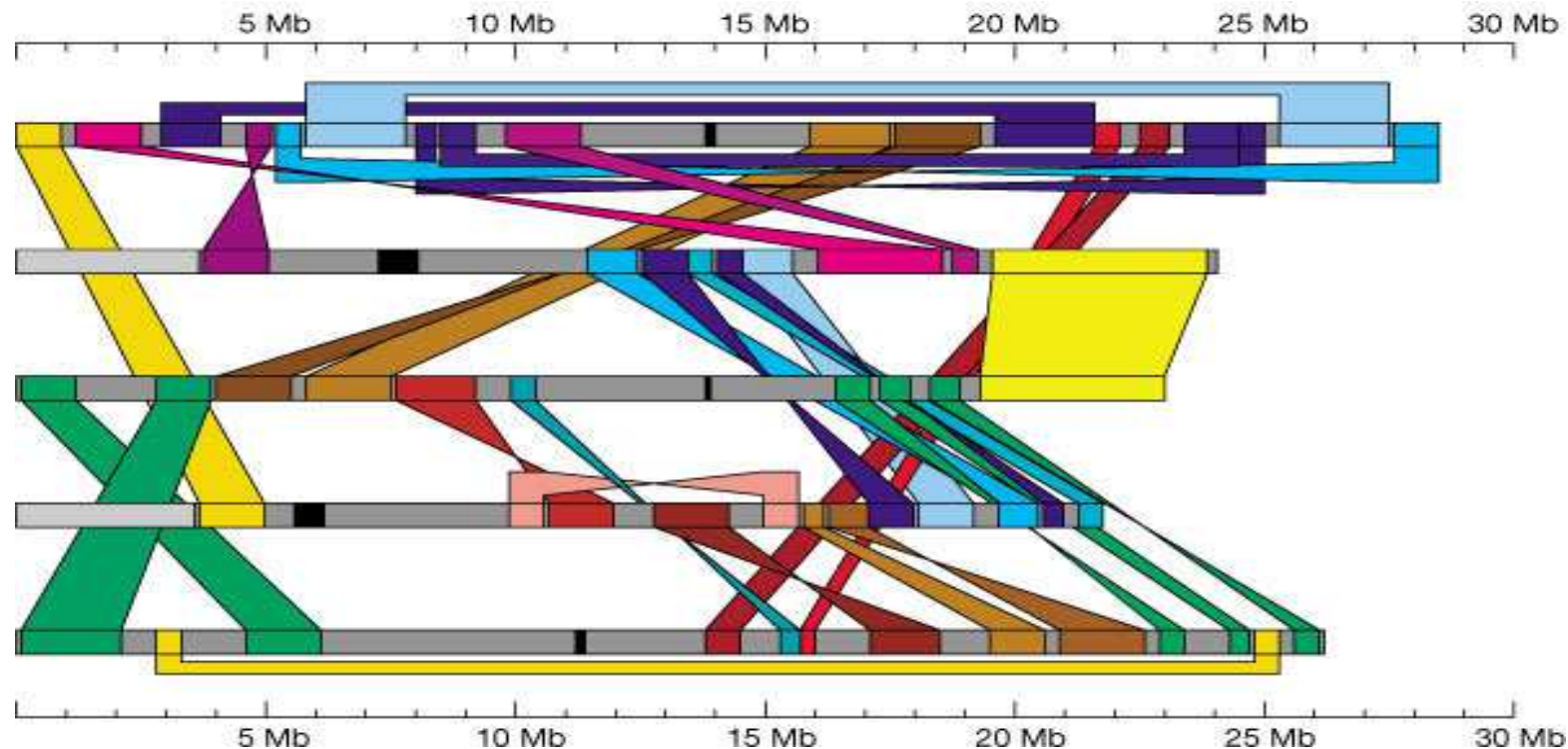
- kistermetű (20-25 cm), kétszikű gyomnövény (Európa, Ázsia, ÉNy Afrika)
- életsiklusa 6 hét (csírázástól magérésig); genomméret 125 Mb
- Johannes Thal (-> *thaliana*), (*Pilosella siliquosa*) XVI szd. Harz-hegység
- F. Laibach javasolta először modell növénynek 1943; (2n=10)
- Rédei György (1921-2008); U. Missouri, 1957-ben kezdett el foglalkozni komolyabban *Arabidopsis*-szal; nem volt elismert kezdetben (1969 NSF támogatás felfüggesztése) - mutációs vizsgálatok alapján a *A. thaliana* gének számát 27 813-ra becsülte
- Marteen Korneef - Wageningen University, 1976 (részletes genetikai térkép 1983)
- 1990 - genom projekt indulása
- 1996 - *Arabidopsis* Genome Initiative (BAC-by-BAC)
- 2000 - genomszekvencia kész
nagy szegmentális duplikációk
- 2001 - NSF2010 Program - gének funkciójának azonosítása
- 2008 - 1001 genom projekt - SNP; (HAPMAP, teljes genomváltozatok) - 1001 *Arabidopsis* változat szekvenálása - 88 már elérhető (2010), befejezést 2012-re ígérték

www.arabidopsis.org (pl. At1g01480)

www.weigelworld.org/resources/microarray/AtGenExpress/

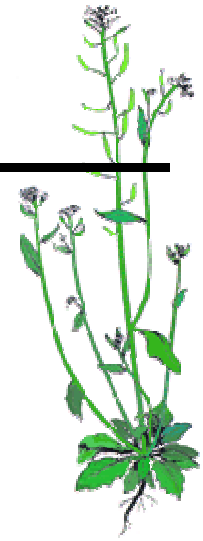
Arabidopsis egy ősi tetraploid genom

hasonlóan a növények többségéhez



A genom 60 % of (67.9 Mb) duplikálódott kromoszómarégiókból áll
A poliploidizáció jelentősen hozzájárult a genom formálódásához és fontos szerepet játszott a növények evolúciójában
A növények kb. 30-80%-a poliploid

Arabidopsis thaliana genom projekt II.

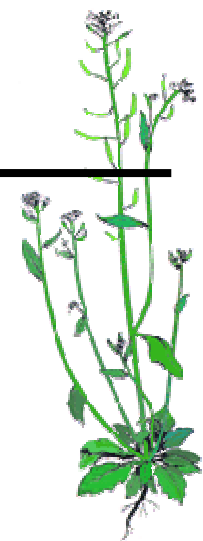


Summary of Gene Structure Annotation (TAIR9 release, 2011)

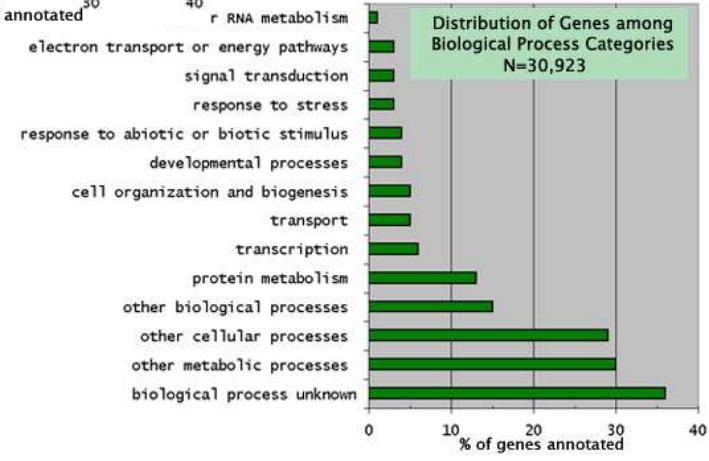
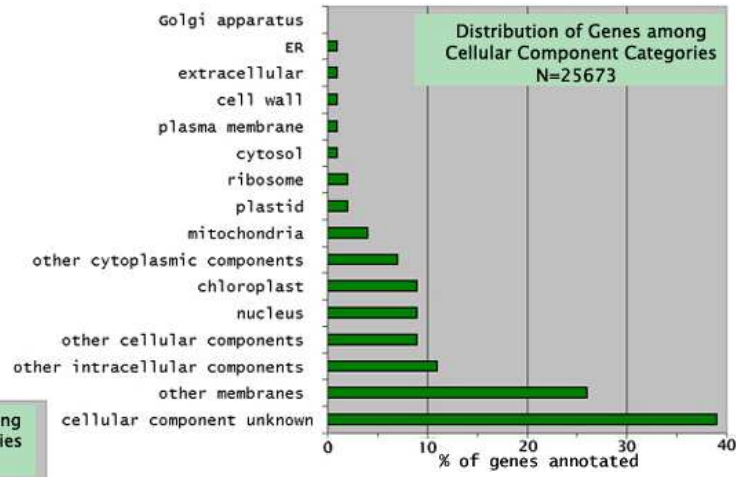
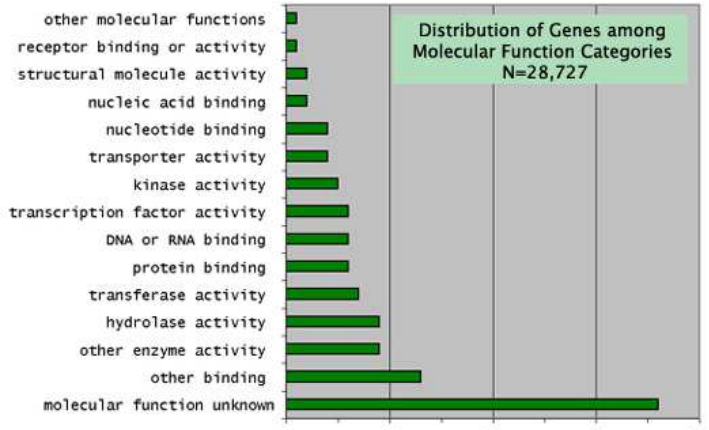
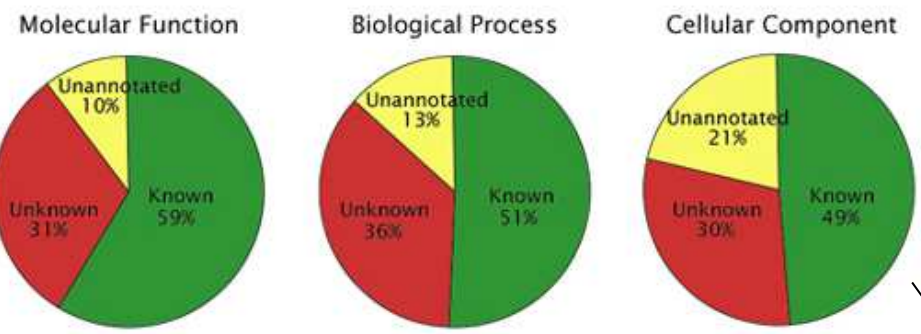
- 27,379 protein coding genes
- 4827 pseudogenes or transposable elements and 1312 ncRNAs
- 33,518 genes in all, 39,640 gene models

| TAIR9 Genome Statistics | | | | | | | | | | |
|-------------------------|----------------|------------|-----------|-----------|-----------|------------|------------|-------------|--------------|---------------|
| Chr | Protein coding | pre-tRNA | rRNA | snRNA | snoRNA | miRNA | Other RNA | Pseudo gene | TE gene | Total |
| 1 | 7,054 | 240 | 0 | 2 | 18 | 52 | 107 | 242 | 683 | 8,398 |
| 2 | 4,237 | 96 | 2 | 0 | 15 | 29 | 75 | 218 | 825 | 5,497 |
| 3 | 5,436 | 93 | 2 | 7 | 15 | 29 | 67 | 201 | 878 | 6,728 |
| 4 | 4,214 | 79 | 0 | 0 | 11 | 28 | 48 | 121 | 711 | 5,122 |
| 5 | 6,318 | 123 | 0 | 4 | 12 | 36 | 53 | 144 | 804 | 7,494 |
| Total | 27,169 | 631 | 4 | 13 | 71 | 174 | 350 | 926 | 3,901 | 33,239 |
| C | 88 | 37 | 8 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 133 |
| M | 122 | 21 | 3 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 146 |
| Total | 27,379 | 689 | 15 | 13 | 71 | 174 | 350 | 926 | 3,901 | 33,518 |

Arabidopsis thaliana genom projekt III.







Summary of Gene Functional Annotation



Arabidopsis thaliana genom projekt - egyedi gének

- „orphan genes” - gének (kódoló szekvenciák), melyeknek nincsenek homológjai más fajokban vagy rendszertani kategóriában
- „rossz annotáció” vagy valódi jelenség?
- faj specifikus metabolikus útvonalak vagy szabályozó utak génjei, gyakran valamilyen speciális környezeti körülménnyel kapcsolatosak
- NGS; minden organizmusban előfordulnak
- általában a gének 5-15%-a tartozik ebbe a kategóriába
- *Arabidopsis thaliana* protein kódoló gének törzsrétegződése
 - homológia azonosítás
 - legkorábbi rendszertani kategóriába sorolás, ahol van homológ

| | | Clade-specific genes | | Age |
|-------------|---|------------------------------|--------------|------|
| | | (Number) | (%) | (Ma) |
| Cenozoic |  | <i>Arabidopsis thaliana</i> | 1084 (4.0%) | 0 |
| | | <i>Arabidopsis</i> | 216 (0.8%) | 13 |
| | | Camelineae | 172 (0.6%) | 23 |
| | | Brassicaceae | 900 (3.3%) | 31 |
| Mesozoic |  | Brassicales | 32 (0.1%) | 71 |
| | | Malvids | 146 (0.5%) | 96 |
| | | Rosids | 218 (0.8%) | 104 |
| | | Core eudicotyledons | 510 (1.9%) | 125 |
| | | Magnoliophyta (flowering) | 971 (3.6%) | 170 |
| Phanerozoic |  | Spermatophyta (seed bearing) | 946 (3.5%) | 329 |
| | | Tracheophyta (vascular) | 475 (1.7%) | 496 |
| | | Embryophyta (land) | 3840 (14.1%) | 547 |
| Precambrian |  | Viridiplantae (green plants) | 1031 (3.8%) | 968 |
| | | Eukaryota | 8229 (30.3%) | 1628 |
| | | Cellular organisms | 8433 (31.0%) | 2520 |
| | | Total: 27203 | | |

TRENDS in Plant Science

Rizs genom projekt I.



- egyszikű, diploid ($2n=24$), kis genomméret a fűfélék között (389 Mb)
- a rizs a kukoricát követően második a termelt mennyiséget tekintve
- 1997 - International Rice Genome Sequencing Project (IRGSP) - *Oryza sativa* ssp. *japonica* cv. Nipponbare (ragadós, rövidszemű rizs)
- 2002 chr1 és 4
- 2003 chr10
- 2004 teljes genom szekvencia - 370 Mb
- 37 544 gén modell (2,859 nem mutat hasonlóságot *Arabidopsis* génekhez)
- *Oryza sativa indica* (hosszúszemű) genomszekvencia meghatározása szintén befejeződött
(2002 - draft szekv.)

<http://rgp.dna.affrc.go.jp/IRGSP/>

<http://rice.plantbiology.msu.edu/>

<http://rice.genomics.org.cn/rice/index2.jsp>

Riz genom projekt II.



MSU Rice Genome Annotation Project Release 7 (10/31/2011)

| Features | TE-related genes/Loci | Non-TE-related genes/Loci |
|----------------------------|-----------------------|---------------------------|
| Gene Number | 16 941 | 39 045 |
| Average Gene Size (bp) | 3 223 | 2 853 |
| Average Exon/Gene | 4.2 | 4.9 |
| Average Exon Length (bp) | 512 | 318 |
| Average Intron/Gene | 3.2 | 3.9 |
| Average Intron Length (bp) | 346 | 418 |

(TE-related: Transposable-element related genes and gene models)

Genes from MSU Rice Genome Annotation, Release 7

| Functional Classification | Genes/Loci | Genes/Loci (%) | Gene Models | Gene Models (%) |
|---------------------------|------------|----------------|-------------|-----------------|
| Putative | 22 896 | 40.9% | 31 047 | 46.8% |
| Expressed | 13 816 | 24.7% | 15 686 | 23.6% |
| Conserved Hypothetical | 133 | 0.2% | 133 | 0.2% |
| Hypothetical | 2 200 | 3.9% | 2 200 | 3.3% |
| TE-related | 16 941 | 30.3% | 17 272 | 26.0% |
| Total | 55 986 | 100% | 66 338 | 100% |

Rizs genom projekt III.

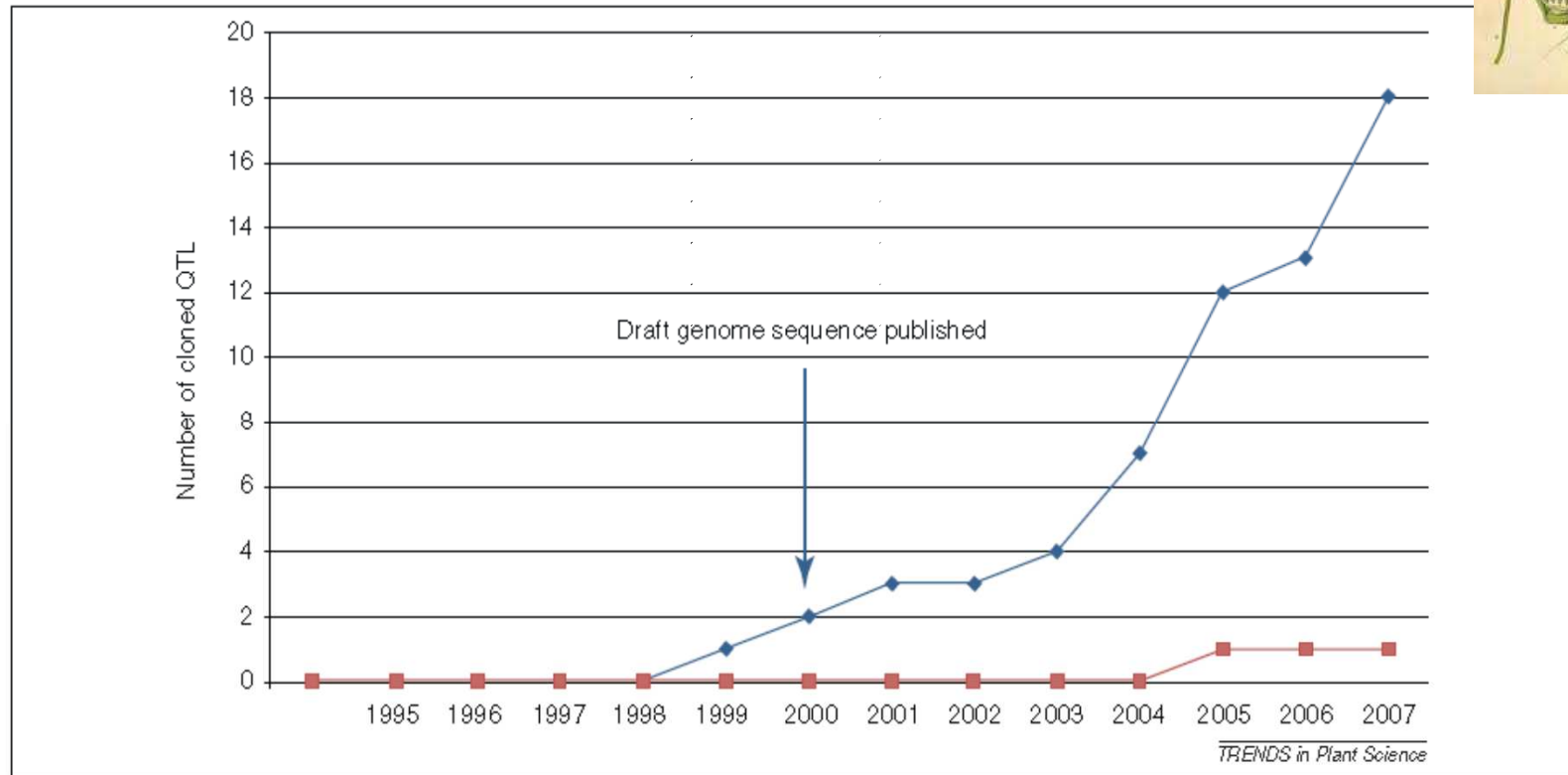
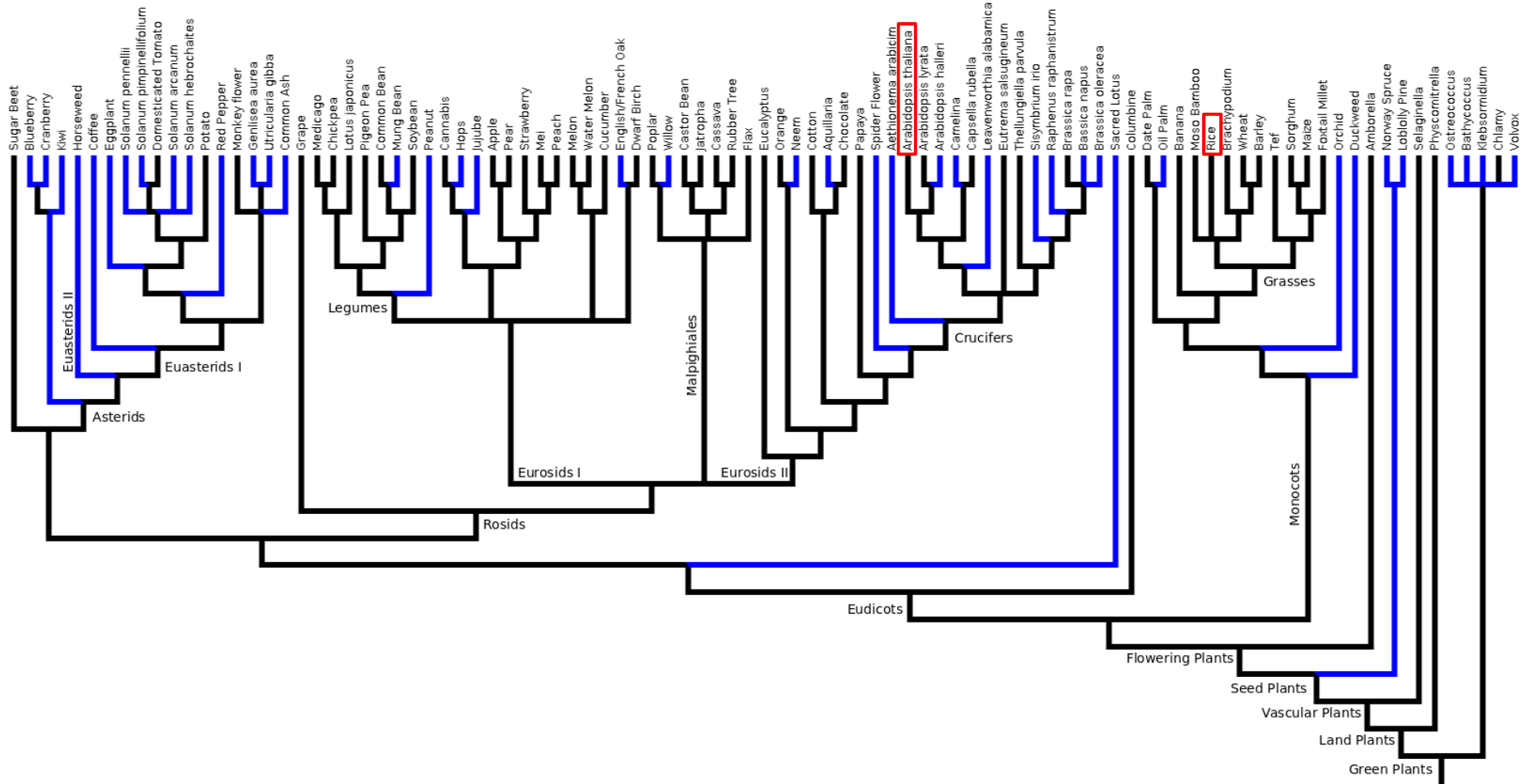


Figure 2. Number of QTL cloned in rice (blue) and wheat (red) since 1995. The blue arrow indicates the year in which the rice genome sequence became available and spurred the number of cloned genes and QTL (published source: NCBI and [42,61]). The Y axis represents the number of cloned QTL.

További növényi genomszekvenálási projektek I.



fekete: publikált szekvencia
 kék: a közelmúltban meghatározott genomszekvencia
 (törzsfa ágainak hossza nem arányos az elválás idejével)

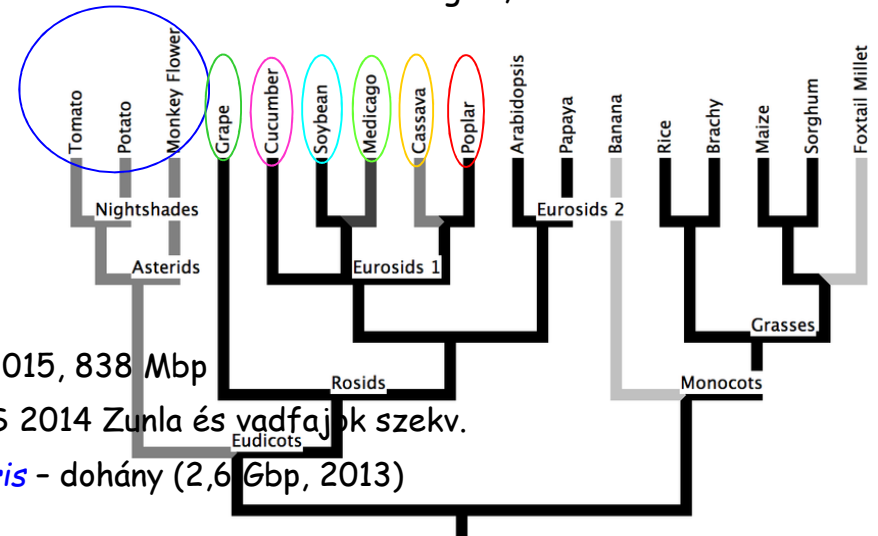
További növényi genom szekvenálási projektek II.

- Algák - 18 faj; *Chlamydomonas* - egysejtű modell szervezet, amelynek fejlődése kb. 1 milliárd éve vált el a szárazföldi növényektől
flagellum - a növények és az állatok közös őstől; 112 Mb, ~ 17700 gén (2007)
- *Physcomitrella patens*: moha (virág és szállítószövet hiánya); 480 Mb (2008),
36 000 gén modell
- csipkeharaszt (*Selaginella moellendorffii*): virág hiánya (2011)
egyik legkisebb szekvenált növényi genom (~110 Mb)
- nyitvatermők: lucfenyő (20 Gb - ~ 28 300 gén), cukorsüvegfenyő (20,8 Gb - 56 000 gén) mindkettő 2013, tömjénfenyő (20 Gb - 50 000 gén - 2014)
- zárvatermők: 82 faj
 - 67 valódi kétszikű: 50 Rosidae alosztály, 12 Asteridae, 5 egyéb
 - 22 egyszikű: 16 fűféle, 6 nem fűféle

További növényi genom szekvenálási projektek III.

- harangláb (*Aquilegia formosa*): Ranunculales rend; ~ 130 M éve vált el a rosid és asterid ágától, szekvenálás az utolsó fázisban

- **Asterids**
 - paradicsom: 950 Mb, 2n=24; 35000 gén nyers genomszekv. (2012); *S. lycopersicum* és *S. pimpinellifolium* (legközelebbi vad rokonfaj; 0,6% SNP) - www.solgenomics.net
 - burgonya: 844 Mbp; 4n=48; 2011, *S. commersonii* 2015, 838 Mbp
 - paprika: 3,3 Gbp Nat. Genetics 2014 CM334, PNAS 2014 Zunla és vadfajok szekv.
 - *Nicotiana benthamiana* (~ 3 Gbp, 2012), *N. glauca* (~ 2,6 Gbp, 2013)
 - *Petunia* 2011



- **Rosids**
 - **szőlő**: ~ 500 Mbp, 19 kromoszóma; 2007 - pinot noir, 2093 metakontig, a genom ~ 94,6%-a
- Eurosids I**
 - **uborka**: 7 kromoszóma; „Chinese long 9930” ~ 350 Mbp; Gy14 inbred line 203 Mb
 - **nyárfa**: 3. megszekvenált növényi genom (2006), 510 Mbp, 19 kromoszóma, nagyfokú heterozigótaság
 - ricinus: 10 kromoszóma, ~ 320 Mbp, első genomszekvenancia 2010
 - **cassava**: manioka v. tápióka; jelenlegi verzió 416 Mbp (Sanger és Roche 454 szekv.; 2012)
 - vadkender: 400 Mb genom - Medicinal Genomics (Amszterdam) 2011; 131 000 Mb szekvenancia - 327x lefedettség, nyers adatok publikálva - összeszerelésre várva
 - alma: 17 kromoszóma, ~740 Mbp becsült genom; ~ 600 Mb (2010), 57 400 gén (genom duplikáció); körte
 - őszibarack: 8 kromoszóma, 265 Mbp (2013), ~ 28 000 gén, mandula, cseresznye,
 - citrusfélék (mandarin, narancs)
 - földieper 240 Mbp (2010)

További növényi genom szekvenálási projektek IV.

- Rosids, Eurosids I

- *Medicago truncatula* : 8 kromoszóma, verzió 3.5 (2010), ~450 Mb becsült, szekv.: 240 Mb kromoszómákhoz kapcsolt, 17 Mb nem kapcs.

- *Lotus japonicus* : 6 kromoszóma, verzió 1.0 (2009) ~470 Mb becsült megszekvenált > 90%

- **szója:** 20 kromoszóma, ~1115 Mb becsült, 950 Mb ismert (2010) 46400 felt. kódoló gén (két teljes genom dupl. 59 és 13 M éve)

- pigeonpea (*Cajanus cajan*): Phaseoleae, $2n=2x=22$, 833 Mb félsivatagi mg-i kultúrnövény, Illumina nyers genomszekvencia (2012) 606 Mb (73%), 48 690 gén predikció nincs egész genomra kiterjedő duplikáció

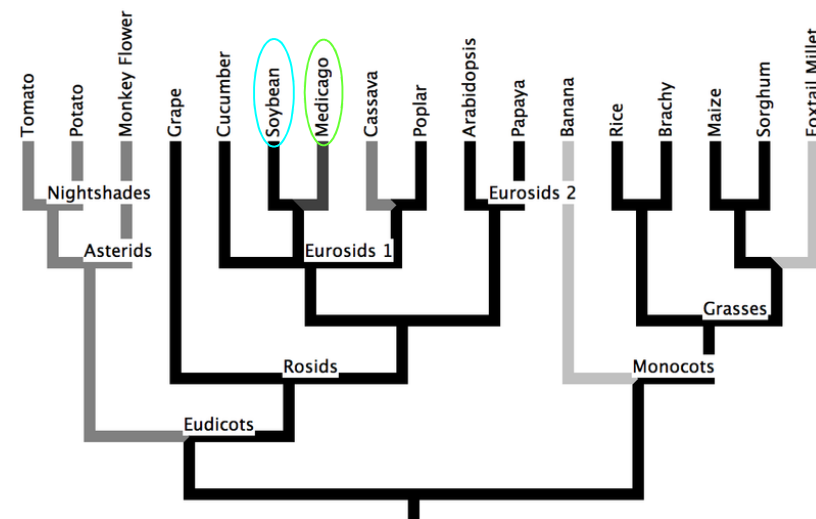
- *Cicer arietinum* 2013

- *Phaseolus vulgaris* 520 Mbp, 2013

- földimogyoró - 2016 Nat Genet

- „A” genom *A. duranensis*

- „B” genom *A. ipaensis*



További növényi genom szekvenálási projektek V.

Eurosid II - papaya : az első genetikailag módosított termesztett növény (papaya ringspot vírus rezisztencia) az Arabidopsishoz legközelebbi megszekvenált genom (2009), amely nem mutat nem teljes genom duplikációt; 9 kromoszóma, 372 Mb

- *Arabidopsis thaliana*, *Arabidopsis lyrata* és egyéb *Arabidopsis* fajok - összehasonlító genomika

Egyszikűek

- datolyapálma: 658 Mbp (2011)

- **banán**: (2013), *Musa acuminata* - A-genom 523 Mbp, *M. balbisiana* - B-genom 438 Mbp

Fűfélék: - **rizs** - 5 féle genom köztük vadfajok is

- **Brachypodium**: búza, árpa zab és rozs modell növénye, energianövény?; a Földközi-tenger vidékén és a Közel-Keleten honos évelő fűfélé, 2n, 4n és 6n, 272 Mbp (Nature, 2010), 5 kromoszóma

- **kukorica**: 2500-3000 Mbp becsült, 2n=20, 2300 Mbp (2009), >40 000 gén, teljes genom dupl. és 2xtranszpozon felszap.

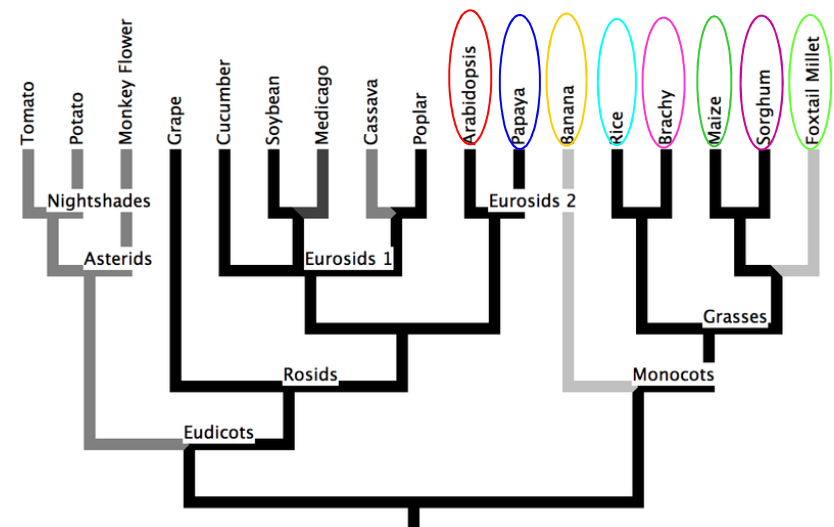
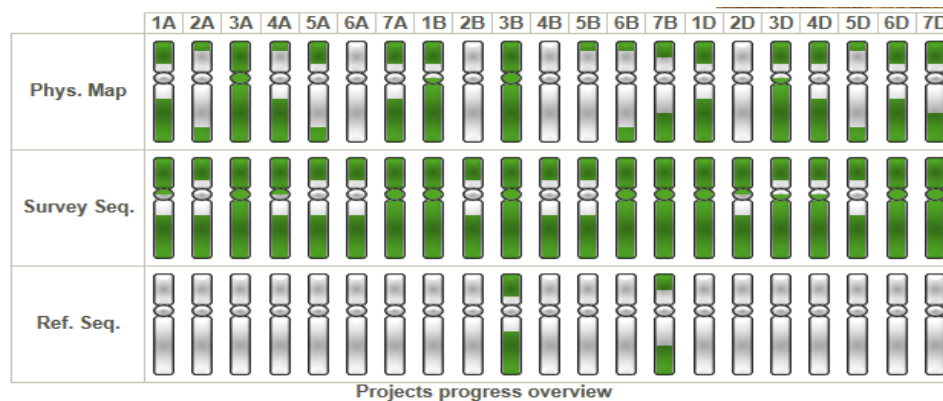
- **sorghum**: kukorica közeli rokona (C4 fotoszint.), ~730 Mbp szekv., 35 000 gén (2009)

- **Setaria italica** : rókafarkú köles v. olasz muhar, C4 fotoszint. modellnövény (2007)

- **búza**: 2n = 6x = 42, AABBDD, 15500-17000 Mb becsült; fizikai térképezési fázisban

Aegilops umbellata (2n=14) és *A. tauschii* (2n=14, D genom)

Triticum urartu (2n=14) 5 Gbp, búza A genom



További növényi genomszekvenálási projektek

- napraforgó: 2010-ben kezdődött (~ 3000Mb; 2n=34), egyik legnagyobb megszekvenált genom lesz
- gyapot: szekvenálás 2009-ben indult, 2013?
- szamóca: első verzió 2011
- kakaó: MARS finanszírozza (Roche 454) -2013
- Brassica fajok: *B. oleracea* (káposzta; CC), *B. rapa* (tarlórépa; AA), *B. napus* (repce; AAC) - Bayer CropScience - nem elérhető, BGI, Shenzhen és IVF, Beijing - Illumina
- olajpálma
- kávé: *Coffea arabica* - allotetraploid; ~1160 Mb, 2014 - N-methyltransferáz gének vizsgálata: bizonyítékok a teobromin/koffein bioszintézis konvergens evolúciójára
- Arabidopsis rokon fajok: *Boechera stricta*, *Thellungiella halophila* (sótűrő), *Capsella rubella*, *A. halleri*, *A. arenosa*, *Boechera divericarpa*
- *Eucalyptus grandis*
- *Zostera marina* (tengerifű), *Panicum virgatum* és *P. hallii* (díszfüvek)
- *Pinus taeda* (terpentin fenyő)
- *Miscanthus giganteus* (elefántfű)
- bab
- *Spirodela polyrhiza* - békalencse: 158 Mbp, 19 600 gén
- *Salix pupurea* (fűzféle)
- körte, cseresznye
- kristályvirág (ice plant) - CAM (crassulacean acid metabolism) fotoszintézis modell növénye

Célzott növényi genom projektek

- kukorica domesztikációja: kukorica - sorghum
- ivari kromoszóma vizsg.: papaya, nyárfa (chr XIX)
- termés íz és tápanyag-utak vizsg. : paradicsom, kakaó, stb.
- magfejlődés: szója, bab
- virágfejlődés: oroszlánszáj, harangláb, *Amborella trichopoda*, avokádó, *Magnolia* fajok, kaliforniai mák, *Zamia fischeri* (pálmafaj), *Welwitschia mirabilis*, spárga, gerbera, stb.
- CAM (Crassulacean acid metabolism) fotoszintézist végző növény *Kalanchoe* - 2013?
- kromatinszerkezet és génexpresszió vizsg.: petúnia
- vadfajok: rizs, szója, *Solanum* sp.
- energianövények: elefántfű és díszfüvek, nyárfa, fűzfa, olajpálma
- 1000 Plant Genomes Project meghirdetése (2008)
 - kb. 390 000 növényfaj létezik
 - ~ 125 000 fajról (2012) van DNS információ (95%-ban csak pár gén szekvencia)
 - Beijing Genomics Institute (BGI . Shenzhen, China) - Illumina szekvenálás
 - transzkriptom szekvenálás (teljes génekészlet szekvenálás <-> EST projektek)
 - biotechnológiai alkalmazás az előtérben - a mintákat az egyes fajok esetében a biotechnológiai szempontból fontos szövetekből veszik (másodlagos anyagcseretermékek, olajtartalom, orvosi vonatkozás, stb.)



Az első 50 növényi genomszekvencia fontosabb adatai

Table 1. Published plant genomes.[†]

| Scientific name | Common name | Year | Type | Division or monocot/dicot | Chr (#) | Size | | Assembled | Assem | Gene (#) | Repeat | scaffold | | contig | Sequencer types | Journal | PMID | Mb | | % | | kb | | I | Genome Research | PMID | | |
|-----------------|-----------------------------------|------|-----------|---------------------------|---------|------|------|-----------|--------|----------|--------|----------|----------|-----------------|-----------------|----------|------|--------|--------|-----|--------|--------|--------|-----|-----------------|-----------------|----------|----------|
| | | | | | | Size | % | | | | | N50 | N50 | | | | | % | % | % | % | | | | | | | |
| 1 | <i>Arabidopsis thaliana</i> | 2000 | model | dicot | 5 | 125 | 115 | 92 | 25,498 | 14 | NA | NA | NA | Na | Nature | 11130711 | 40 | 17 | 527 | 512 | 97 | 42,812 | 53 | 541 | 36 | | | 23149293 |
| 2 | <i>Oryza sativa</i> | 2002 | crop | monocot | 12 | 430 | 362 | 84 | 59,855 | 26 | 12 | 7 | Na | Science | 11935017 | 41 | 11 | 425 | 354 | 83 | 23,440 | 45 | 2380 | 26 | I | Nature Genetics | 23179023 | |
| 3 | <i>Oryza sativa</i> | 2002 | crop | monocot | 12 | 420 | 389 | 93 | 61,668 | NA | NA | NA | Na | Science | 11935018 | 42 | 21 | 17,000 | 3800 | 22 | 94,000 | 80 | NA | 1 | 4 | Nature | 23192148 | |
| 4 | <i>Oryza sativa</i> | 2005 | crop | monocot | 12 | 389 | 371 | 95 | 37,544 | 26 | NA | NA | Na | Nature | 16100779 | 43 | 13 | 880 | 738 | 84 | 37,505 | 61 | 18,800 | 136 | Sa,4,I | Nature | 23257886 | |
| 5 | <i>Populus trichocarpa</i> | 2006 | crop | dicot | 19 | 485 | 410 | 84 | 45,555 | NA | 3100 | 126 | Na | Science | 16973872 | 44 | 8 | 280 | 237 | 85 | 31,390 | 45 | 578 | 32 | I | Nature | 23271652 | |
| 6 | <i>Vitis vinifera</i> | 2007 | crop | dicot | 19 | 475 | 487 | 103 | 30,434 | 41 | 2065 | 66 | Na | Nature | 17721507 | 45 | 8 | 738 | 532 | 72 | 28,269 | 49 | 39,990 | 24 | Sa,I | Communications | 23354103 | |
| 7 | <i>Physcomitrella patens</i> | 2008 | model | bryophyta | 27 | 510 | 480 | 94 | 35,938 | 16 | 1320 | 292 | Na | Science | 18079367 | 46 | 18 | 2150 | 1119 | 52 | 68,955 | 72 | 3 | NA | 4,5,I | BMC Genomics | 23375136 | |
| 8 | <i>Vitis vinifera</i> | 2007 | crop | dicot | 19 | 505 | 477 | 95 | 29,585 | 27 | 1330 | 18 | Sa,4 | PlosOne | 18094749 | 47 | 24 | 2075 | 2051 | 99 | 31,987 | 59 | 329 | 12 | I | Nature Genetics | 23435089 | |
| 9 | <i>Carica papaya</i> | 2008 | crop | dicot | 9 | 372 | 370 | 99 | 28,629 | 43 | 1000 | 11 | Na | Nature | 18432245 | 48 | 12 | 300 | 263 | 88 | 32,038 | 29 | 1013 | 20 | I | Nature | 23481403 | |
| 10 | <i>Lotus japonicus</i> | 2008 | model | dicot | 6 | 472 | 315 | 67 | 30,799 | 56 | NA | NA | Na | DNA Research | 18511435 | 49 | 8 | 265 | 227 | 86 | 27,852 | 37 | 27,400 | 214 | Na | Nature Genetics | 23525075 | |
| 11 | <i>Sorghum bicolor</i> | 2009 | crop | monocot | 10 | 818 | 739 | 90 | 34,496 | 62 | 62,400 | 195 | Na | Nature | 19189423 | 50 | 7 | 4360 | 4244 | 97 | 43,150 | 66 | 58 | 5 | 4,I | Nature | 23535592 | |
| 12 | <i>Cucumis sativus</i> | 2009 | crop | dicot | 7 | 367 | 244 | 66 | 26,682 | 24 | 1140 | 20 | Sa,I | Nature Genetics | 19881527 | 51 | 7 | 4940 | 4660 | 94 | 34,879 | 67 | 64 | 3 | I | Nature | 23535596 | |
| 13 | <i>Zea mays</i> | 2009 | crop | monocot | 10 | 2300 | 2048 | 89 | 32,540 | 85 | 76 | 40 | Na | Science | 19965430 | 52 | 8 | 929 | 804 | 87 | 26,685 | 57 | 3400 | 39 | I | Genome Biology | 23663246 | |
| 14 | <i>Glycine max</i> | 2010 | crop | dicot | 20 | 1115 | 973 | 87 | 46,430 | 57 | 47,800 | 189 | Na | Nature | 20075913 | 53 | 16 | 77 | 82 | 106 | 28,500 | 3 | 95 | 26 | 4,I | Nature | 23665961 | |
| 15 | <i>Brachypodium distachyon</i> | 2010 | model | monocot | 5 | 272 | 272 | 100 | 25,532 | 21 | 59,300 | 348 | Na | Nature | 20148030 | 54 | 12 | 19,600 | 12,000 | 61 | 28,354 | NA | NA | NA | | Nature | 23698360 | |
| 16 | <i>Ricinus communis</i> | 2010 | crop | dicot | 10 | 320 | 326 | 102 | 31,237 | 50 | 561 | 21 | Na | Nature | 20729833 | 55 | 8 | 219 | 135 | 62 | 26,521 | NA | 15,100 | 134 | Na | Nature Genetics | 23749190 | |
| 17 | <i>Malus x domestica</i> | 2010 | crop | dicot | 17 | 742 | 604 | 81 | 57,386 | 67 | 1542 | 13 | Sa,4 | Nature Genetics | 20802477 | | | | | | | | | | | | | |
| 18 | <i>Jatropha curcas</i> | 2010 | crop | dicot | NA | 380 | 286 | 75 | 40,929 | 37 | NA | 4 | Na | DNA Research | 21149391 | | | | | | | | | | | | | |
| 19 | <i>Theobroma cacao</i> | 2010 | crop | dicot | 10 | 430 | 327 | 76 | 28,798 | 24 | 473 | 20 | Sa,4,I | Nature Genetics | 21186351 | | | | | | | | | | | | | |
| 20 | <i>Fragaria vesca</i> | 2011 | crop | dicot | 7 | 240 | 210 | 87 | 34,809 | 23 | 1361 | NA | 4,5,I | Nature Genetics | 21186353 | | | | | | | | | | | | | |
| 21 | <i>Arabidopsis lyrata</i> | 2011 | model | dicot | 8 | 207 | 207 | 100 | 32,670 | 30 | 24,500 | 227 | Na | Nature Genetics | 21478890 | | | | | | | | | | | | | |
| 22 | <i>Salvinella moellendorffii</i> | 2011 | non-model | lycopod | NA | 110 | 213 | 193 | 22,285 | 38 | 1700 | 120 | Na | Science | 21551031 | | | | | | | | | | | | | |
| 23 | <i>Phoenix dactylifera</i> | 2011 | crop | monocot | 18 | 658 | 381 | 58 | 28,890 | 40 | 30 | 6 | I | Nature | 21623354 | | | | | | | | | | | | | |
| 24 | <i>Solanum tuberosum</i> | 2011 | crop | dicot | 12 | 844 | 727 | 86 | 39,031 | 62 | 1318 | 31 | Sa,4,I | Nature | 21743474 | | | | | | | | | | | | | |
| 25 | <i>Thellungiella parvula</i> | 2011 | model | dicot | 7 | 140 | 137 | 98 | 30,419 | 8 | 5290 | NA | 4,I | Nature Genetics | 21822265 | | | | | | | | | | | | | |
| 26 | <i>Cucumis sativus</i> | 2011 | crop | dicot | 7 | 367 | 323 | 88 | 26,587 | NA | 319 | 323 | Sa,4 | PlosOne | 21829493 | | | | | | | | | | | | | |
| 27 | <i>Brassica rapa</i> | 2011 | crop | dicot | 10 | 485 | 284 | 59 | 41,174 | 40 | 1971 | 27 | I | Nature Genetics | 21873998 | | | | | | | | | | | | | |
| 28 | <i>Cannabis sativa</i> | 2011 | crop | dicot | ? | 820 | 787 | 96 | 30,074 | NA | 16 | 2 | 4,I | Genome Biology | 22014239 | | | | | | | | | | | | | |
| 29 | <i>Cajanus cajan</i> | 2011 | crop | dicot | 11 | 833 | 605 | 72 | 48,680 | 52 | 516 | 22 | Sa,I | Nature | 22057054 | | | | | | | | | | | | | |
| 30 | <i>Medicago truncatula</i> | 2011 | model | dicot | 8 | 454 | 262 | 58 | 62,388 | 31 | 1270 | NA | Sa,4,I | Nature | 22089132 | | | | | | | | | | | | | |
| 31 | <i>Setaria italica</i> | 2012 | model | monocot | 9 | 490 | 423 | 86 | 38,801 | 46 | 1007 | 25 | I | Nature | 22580950 | | | | | | | | | | | | | |
| 32 | <i>Setaria italica</i> | 2012 | model | monocot | 9 | 510 | 397 | 80 | 35,471 | 40 | 47,300 | 126 | Na | Nature | 22580951 | | | | | | | | | | | | | |
| 33 | <i>Solanum lycopersicum</i> | 2012 | crop | dicot | 12 | 900 | 760 | 84 | 34,727 | 63 | 16,467 | 87 | Sa,4,S,I | Nature | 22660326 | | | | | | | | | | | | | |
| 34 | <i>Cucumis melo</i> | 2012 | crop | dicot | 12 | 450 | 375 | 83 | 27,427 | NA | 4680 | 18 | Sa,4,I | PNAS | 22753475 | | | | | | | | | | | | | |
| 35 | <i>Linum usitatissimum</i> | 2012 | crop | dicot | 15 | 373 | 318 | 85 | 43,484 | 24 | 132 | 20 | I | Plant Journal | 22757964 | | | | | | | | | | | | | |
| 36 | <i>Musa acuminata malaccensis</i> | 2012 | crop | monocot | 11 | 523 | 472 | 90 | 36,542 | 44 | 1311 | 43 | Sa,4,I | Nature | 22801500 | | | | | | | | | | | | | |
| 37 | <i>Gossypium raimondii</i> | 2012 | crop | dicot | 13 | 880 | 775 | 88 | 40,976 | 60 | 2284 | 45 | I | Nature Genetics | 22922876 | | | | | | | | | | | | | |
| 38 | <i>Azadirachta indica</i> | 2012 | crop | dicot | NA | 364 | NA | NA | 20,169 | 13 | 452 | 1 | 4,I | BMC Genomics | 22958331 | | | | | | | | | | | | | |
| 39 | <i>Hordeum vulgare</i> | 2012 | crop | monocot | 7 | 5100 | 4980 | 98 | 30,400 | 84 | NA | NA | Na | Nature | 23075845 | | | | | | | | | | | | | |

[†]Abbreviations: Sa, Sanger; 4, Roche/454; S, SOLiD; I, Illumina; NA, not reported in primary publication; kb, kilobases; Mb, megabases; Chr, chromosome; PMID, PubMed ID

The First 50 Plant Genomes
 Todd P. Michael* and Scott Jackson
 The Plant Genome 6:1-7 (2013)

Fontosabb genomszekvenálási projektek áttekintése

Table 1. Major crops for food, feed and non-food uses

| | Crop name | Amount produced ^a | Order/Family ^b | Genome size (Mb) | Sequencing status |
|---------------------------|---------------------------------|------------------------------|------------------------------|------------------|-------------------|
| Food crops | | | | | |
| Cereals | Maize ^c | 791.7 | Poales/Poaceae | 2500 | Yes |
| | Rice (paddy) | 659.5 | Poales/Poaceae | 389 | Yes |
| | Wheat | 605.9 | Poales/Poaceae | 17 000 | Project |
| | Barley | 133.4 | Poales/Poaceae | 5000 | Project |
| | Sorghum | 63.3 | Poales/Poaceae | 736 | Yes |
| | Millet ^c | 33.9 | Poales/Poaceae | 515 | Project |
| | Oats | 24.8 | Poales/Poaceae | 13 000 | No |
| | Rye | 14.7 | Poales/Poaceae | 8000 | No |
| | Potatoes | 309.3 | Solanales/Solanaceae | 840 | Project |
| | Cassava ^c | 214.5 | Malpighiales/Euphorbiaceae | 770 | project |
| Vegetables and melon | Sweet potatoes | 107.6 | Solanales/Convolvulaceae | 1500 | No |
| | Tomatoes | 129.9 | Solanales/Solanaceae | 950 | Project |
| | Watermelons/melons | 97.4 | Cucurbitales/Cucurbitaceae | 480 | Project |
| | Cabbages and other brassicas | 68.9 | Brassicales/Brassicaceae | 530 | Project |
| | Onions, dry | 66.0 | Asparagales/Alliaceae | 16 000 | No |
| | Cucumbers and gherkins | 44.2 | Cucurbitales/Cucurbitaceae | 367 | Yes |
| | Eggplants (aubergines) | 32.2 | Solanales/Solanaceae | 1100 | No |
| | Carrots and turnips | 27.2 | Apiales/Apiaceae | 473 | No |
| | Lettuce and chicory | 23.3 | Asterales/Asteraceae | 2500 | No |
| | Pumpkins, squash and gourds | 21.0 | Cucurbitales/Cucurbitaceae | 500 | No |
| Oil crops | Cauliflowers and broccoli | 17.7 | Brassicales/Brassicaceae | 880 | No |
| | Garlic | 15.8 | Asparagales/Alliaceae | 11 100 | No |
| | Spinach | 14.0 | Caryophyllales/Amaranthaceae | 990 | No |
| | Soybeans ^c | 220.5 | Fabales/Fabaceae | 1115 | Yes |
| | Oil palm ^c | 192.6 | Arecales/Arecaceae | 1800 | Yes |
| | Seed cotton | 73.6 | Malvales/Malvaceae | 2250 | No |
| | Coconuts | 61.5 | Arecales/Arecaceae | 2150 | No |
| | Rapeseed ^c | 50.6 | Brassicales/Brassicaceae | 600 | Yes/project |
| | Groundnuts, with shell | 37.1 | Diverse order/families | 800 | No |
| | Sunflower seed ^c | 26.8 | Asterales/Asteraceae | 3000 | Project |
| Fruits | Olives | 17.4 | Lamiales/Oleaceae | 1500 | No |
| | Bananas/plantains | 119.8 | Zingiberales/Musaceae | 600 | Project |
| | Oranges/dementines/lemons | 104.3 | Sapindales/Rutaceae | 367 | Project |
| | Grapes | 67.2 | Vitales/Vitaceae | 500 | Yes |
| | Apples | 66.0 | Rosales/Rosaceae | 750 | Yes |
| | Mangoes, mangosteens and guavas | 33.4 | Diverse order/families | 400 | No |
| | Pineapples | 20.9 | Poales/Bromeliaceae | 440 | No |
| | Pears | 20.6 | Rosales/Rosaceae | 500 | No |
| | Peaches and nectarines | 17.4 | Rosales/Rosaceae | 250 | Yes |
| | Papayas | 7.2 | Brassicales/Caricaceae | 372 | Yes |
| Non-food crops | | | | | |
| Energy crops ^c | Poplar | NA | Malpighiales/Salicaceae | 485 | Yes |
| | Eucalyptus | NA | Myrtales/Myrtaceae | 600 | Project |
| | <i>Jatropha</i> | NA | Malpighiales/Euphorbiaceae | 400 | Yes |
| | Switchgrass | NA | Poales/Poaceae | 480 | Project |
| | Castor bean | NA | Malpighiales/Euphorbiaceae | 400 | Yes |
| | <i>Miscanthus</i> | NA | Poales/Poaceae | 3300 | Project |
| | Sugarcane | NA | Poales/Poaceae | 2300 | Project |

Abbreviation: NA, not available.

^aCrops are sorted according to their relative importance in terms of production in 2007 (million tons yr⁻¹; source: <http://faostat.fao.org/>).

^bThe order and family names are from the Angiosperm Phylogeny website (<http://www.mobot.org/MOBOT/research/APWeb/welcome.html>).

^cSpecies used as both food and energy crops.

Fontosabb genomszekvenálási projektek áttekintése (2012)

Table 2. Overview of higher plant genome sequencing projects for which sequences are publicly available

| Species and genotype | Genome size (Mb) | Ploidy | Sequencing strategy | Coverage | Refs |
|--|------------------|------------|---------------------|-----------------|---|
| Finished genome sequences^a | | | | | |
| <i>Arabidopsis thaliana</i> (thale cress, cv. Columbia) | 125 | Diploid | BAC-by-BAC | ~15x | [1] |
| <i>Oryza sativa</i> ssp. <i>japonica</i> (rice, cv. Nipponbare) | 389 | Diploid | BAC-by-BAC | 10x | [38] |
| Improved high-quality draft genome sequences | | | | | |
| <i>Sorghum bicolor</i> (sorghum, cv. BTx623) | 770 | Diploid | WGS | 8.5x | [72] |
| <i>Vitis vinifera</i> (grapevine, Pinot noir cv. PN40024) | 487 | Dihaploid | WGS | 8.4x | [22] |
| <i>Brachypodium distachyon</i> (purple false brome, line Bd21) | 300 | Diploid | WGS | 8x | [86] |
| <i>Glycine max</i> (soybean, cv. Williams 82) | 1100 | Diploid | WGS | 8x | [6] |
| <i>Populus trichocarpa</i> (black cottonwood, poplar, cv. Nisqually-1) | 485 | Diploid | WGS | 7.5x | [25] |
| <i>Zea mays</i> ssp. <i>mays</i> (maize, cv. B73) (gene space) | 2600 | Diploid | BAC-by-BAC | 6x | [5] http://maizesequence.org/ |
| <i>Cucumis sativus</i> (cucumber, IL 9930) | 367 | Diploid | WGS | 72.2x (NGS) | [16] |
| High-quality draft genome sequences | | | | | |
| <i>Oryza sativa</i> ssp. <i>japonica</i> (rice, cv. Nipponbare) | 433 | Diploid | WGS | 6x | [87] |
| <i>Oryza sativa</i> ssp. <i>indica</i> (rice, cv. 93-11) | 466 | Diploid | WGS | 6.3 | [40] |
| <i>Oryza sativa</i> ssp. <i>japonica</i> (rice, cv. Nipponbare) | 399 | Diploid | BAC-by-BAC | 5x | [39] |
| <i>Vitis vinifera</i> (grapevine, Pinot noir cv. ENTAV 115) | 505 | Diploid | WGS and SBS | 6.5/4.2x | [23] |
| <i>Carica papaya</i> (transgenic papaya, 'Scv.unUp') | 372 | Diploid | WGS | 3x | [88] |
| <i>Prunus persica</i> (Peach, cv. Lovell) | 220 | Dihaploid | WGS | 7.7x | http://www.rosaceae.org/peach/genome |
| <i>Malus x domestica</i> Borkh (Apple, cv. Golden delicious) | 742 | Dihaploid | WGS | 16.9x | [89] |
| Standard draft genome sequences | | | | | |
| <i>Medicago truncatula</i> (barrel medic, cv. Jemalong A17) | 500 | Diploid | BAC-by-BAC | ND ^o | http://www.medicago.org/ |
| <i>Zea mays</i> (popcorn, cv. Palomero Toluqueno) | 2100 | Diploid | WGS | 3.2x | [90] |
| <i>Lotus japonicus</i> (trefoil, cv. Miyakojima MG-20) | 472 | Diploid | BAC-by-BAC | 8.4x | http://www.kazusa.or.jp/lotus/ |
| <i>Mimulus guttatus</i> (common monkeyflower) | 430 | Diploid | WGS | 7x | http://www.phytozome.net/mimulus |
| <i>Ricinus communis</i> (castor bean, cv. Hale) | 400 | Diploid | WGS | 4x | [91] |
| <i>Solanum tuberosum</i> (potato, DM1-3-516 R44) | 840 | Dihaploid | WGS | 70x (NGS) | http://www.potatogenome.net |
| <i>Manihot esculenta</i> (cassava, cv AM560-2) (gene space 416 Mb) | 770 | Amphiploid | WGS | ND | http://www.phytozome.net/cassava |
| <i>Solanum lycopersicum</i> (common tomato, cv esculentum x pennellii) | 950 | Diploid | BAC-by-BAC | | http://sgn.cornell.edu/about/tomato_project_overview.pl |
| | | | WGS | 22 x | http://mips.helmholtz-muenchen.de/plant/tomato/index.jsp |
| <i>Arabidopsis lyrata</i> (rock cress) | 230 | Diploid | WGS | ND | http://www.phytozome.net/alyrata |

Abbreviations: ND, no data; SBS, sequencing by synthesis.

^aThe sequences have been classified according to the criteria proposed by Chain *et al.* [8].

Fontosabb genomszekvenálási projektek áttekintése (2012)

Table 3. Overview of higher plant genome sequencing projects that are either underway or not yet publicly available

| Species and genotype | Genome size (Mb) | Ploidy | Sequencing strategy | Refs |
|---|------------------|------------|---------------------|---|
| <i>Aquilegia formosa</i> (Western columbine) | 400 | Diploid | WGS | http://www.jgi.doe.gov/genome-projects/ |
| <i>Brassica oleracea</i> | 600 | Diploid | WGS | http://www.genomesonline.org |
| <i>Brassica rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i> (Chinese cabbage, cv. Chifu 401-42) | 529 | Diploid | BAC-by-BAC | http://www.brassica.info/resource/sequencing.php |
| <i>Brassica rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i> (Chinese cabbage, cv. Chifu 401-42) | 492 | Diploid | WGS | http://www.intl-pag.org/18/abstracts/W14_PAGXVIII_104.html |
| <i>Brassica rapa</i> (B3) | 530 | Diploid | WGS | http://www.jgi.doe.gov/genome-projects/pages/projects.jsf?kingdom5Plant |
| <i>Brassica napus</i> (rapeseed) (<i>oleracea/rapa</i>) | 1100 | Tetraploid | WGS | http://www.bayercropscience.com/bcsweb/cropprotection.nsf/id/EN_20091009?open&I5EN&ccm5500020 |
| <i>Capsella rubella</i> (pink shepherds purse) | 250 | Diploid | WGS | http://www.jgi.doe.gov/genome-projects/ |
| <i>Citrus sinensis</i> (sweet orange, cv. Ridge pineapple) | 382 | Diploid | WGS | http://www.citrusgenome.ucr.edu/ |
| <i>Elaeis guineensis</i> (oil palm, cv. <i>tenera</i> × <i>dura</i>) | 1800 | Diploid | BAC pools and WGS | http://www.syntheticgenomics.com/media/press/52108.html |
| <i>Eucalyptus grandis</i> (BRASUZ1) | 600 | Diploid | WGS | http://www.jgi.doe.gov/genome-projects/ |
| <i>Gossypium raimondii</i> (cotton) | 880 | Diploid | WGS | http://www.jgi.doe.gov/genome-projects/ |
| <i>Jatropha curcas</i> (synthetic genomics) | 400 | Diploid | Unpublished | http://www.syntheticgenomics.com/media/press/52009.html |
| <i>Nicotiana tabacum</i> (tobacco, cv. Hicks broadleaf) | 4500 | Tetraploid | Methyl filtration | http://www.tobaccogenome.org/ |
| <i>Setaria italica</i> (foxtail millet, Yugu1) | 515 | Diploid | WGS | http://www.jgi.doe.gov/genome-projects/ |
| <i>Solanum tuberosum</i> (potato, RH89-039-16) | 840 | Diploid | BAC-by-BAC | http://www.potatogenome.net [92] |
| <i>Vigna unguiculata</i> (cowpea) | 620 | Diploid | Methyl filtration | [93] |
| <i>Zea mays</i> (maize, cv. Mo17) | 2100 | Diploid | WGS | http://www.maizegdb.org/sequencing_project.php |

Fontosabb genom szekvenálási projektek áttekintése (2012)

Table 3 List of published plant genome sequences

| Plant species (common name) | Family | Approach | References |
|---|----------------------------------|--------------------|--|
| <i>Arabidopsis lyrata</i> | Brassicaceae | WGS | Hu <i>et al.</i> (2011) |
| <i>Arabidopsis thaliana</i> (mouse ear cress) | Brassicaceae | BAC-by-BAC | Arabidopsis Genome Initiative, (2000) |
| <i>Bracypodium distachyon</i> | Poaceae | WGS | International Bracypodium Initiative, (2010) |
| <i>Brassica rapa</i> (Chinese cabbage) | Brassicaceae | WGS | <i>Brassica rapa</i> Genome Sequencing Project Consortium, (2011) |
| <i>Cajanus cajan</i> (pigeonpea) | Fabaceae | WGS | Varshney <i>et al.</i> (2011) |
| <i>Carica papaya</i> (papaya) | Caricaceae | WGS | Ming <i>et al.</i> (2008) |
| <i>Cucumis sativus</i> (cucumber) | Cucurbitaceae | WGS | Huang <i>et al.</i> (2009a,b) and Woycicki <i>et al.</i> (2011) |
| <i>Fragaria vesca</i> (woodland strawberry) | Roseaceae | WGS | Shulaev <i>et al.</i> (2011) |
| <i>Glycine max</i> (soybean) | Fabaceae | WGS | Schmutz <i>et al.</i> (2010) |
| <i>Glycine soja</i> | Fabaceae | WGS | Kim <i>et al.</i> (2010) |
| <i>Medicago truncatula</i> (barrel medic) | Fabaceae | WGS and BAC-by-BAC | Young <i>et al.</i> (2011) |
| <i>Malus × domestica</i> (apple) | Roseaceae | WGS | Velasco <i>et al.</i> (2010) |
| <i>Oryza sativa</i> (rice, indica) | Poaceae | WGS | Yu <i>et al.</i> (2002) |
| <i>Oryza sativa</i> (rice, japonica) | Poaceae | WGS and BAC-by-BAC | Goff <i>et al.</i> (2002); International Rice Genome Sequencing Project (2005) |
| <i>Phoenix dactylifera</i> (date palm) | Arecaceae | WGS | Al-Dous <i>et al.</i> (2011) |
| <i>Physcomitrella patens</i> | Funariaceae (Bryophyta) | WGS | Rensing <i>et al.</i> (2008) |
| <i>Populus trichocarpa</i> (poplar) | Salicaceae | WGS | Tuskan <i>et al.</i> (2006) |
| <i>Ricinus communis</i> (castor bean) | Euphorbiaceae | WGS | Chan <i>et al.</i> (2010) |
| <i>Selaginella moellendorffii</i> | Selaginellaceae (Lycopodiophyta) | WGS | Banks <i>et al.</i> (2011) |
| <i>Solanum tuberosum</i> (potato) | Solanaceae | WGS | Potato Genome Sequencing Consortium, (2011) |
| <i>Sorghum bicolor</i> (sorghum) | Poaceae | WGS | Paterson <i>et al.</i> (2009) |
| <i>Thellungiella parvula</i> | Brassicaceae | WGS | Dassanayake <i>et al.</i> (2011) |
| <i>Theobroma cacao</i> (cacao) | Malvaceae | WGS | Argout <i>et al.</i> (2011) |
| <i>Vitis vinifera</i> (grapevine) | Vitaceae | WGS | Jaillon <i>et al.</i> (2007) |
| <i>Zea mays</i> (maize) | Poaceae | BAC-by-BAC | Schnable <i>et al.</i> (2009) |

Növényi genomprogramok weboldalai

<http://arabidopsis.org/>

<http://rice.genomics.org.cn/rice/index2.jsp>

<http://compbio.dfci.harvard.edu/tgi/plant.html>

http://solgenomics.net/genomes/Solanum_lycopersicum/index.pl

http://www.potatogenome.net/index.php/Main_Page

<http://maizesequence.org>

<http://www.medicago.org/genome/>

<http://www.brassica.info/resource/sequencing.php>

<http://www.wheatgenome.org/>

http://genome.jgi-psf.org/Poptr1_1/Poptr1_1.home.html

www.ncbi.nlm.nih.gov/

www.jgi.doe.gov/

<http://www.phytozome.net/>

www.sanger.ac.uk/

www.expasy.ch/

www.arabidopsis.org/

www.kazusa.or.jp/

A genetikai térképezés és a genomszekvencia néhány alkalmazása

- a genetikai térképek biztos alapot jelentenek genomikai projektnél -
genomszerveződés vizsgálata (pl. genomszekvenálás, fizikai térképezés,
genetikai és citológiai térkép összevetése, stb.)
- összehasonlító genetikai térképezés (genom evolúció)
- gyakorlati szempontból fontos génekhez vagy lókuszekhez kapcsolt
markerek azonosítása
- génklónozás

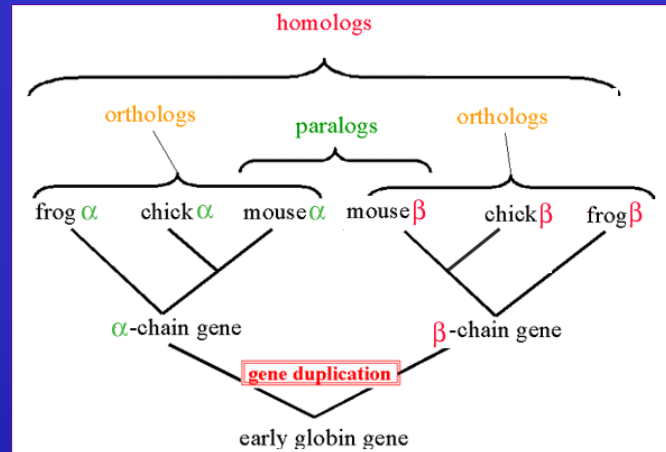
Összehasonlító genetikai térképezés I. (alapfogalmak)

- Kapcsolt genetikai markerek (kapcsoltság) vizsgálata különböző fajokban vagy rendszertani kategóriák között
- Homológia = hasonlóság; *közös evolúciós eredet* (madár és denevér szárny; hasonló szerkezet és pozíció)
- Analógia = hasonlóság, *közös evolúciós eredet nélkül* (pl. légy és madár szárny)
- Homológia - ortológia és paralógia
 - két gén ortológ, ha két különböző fajban találhatóak, és egy közös ősgénből származnak, mely a két faj közös ősében jelen volt. Ugyanazt a funkciót szolgálják, a két fajban.
 - két gén paralóg, ha ugyanabban az organizmusban találhatóak, és egy közös ősgénből génduplikáció és azt követő divergens evolúció útján alakultak ki. Többnyire különböző, de egymással összefüggésben lévő funkciójuk van.



Összehasonlító genetikai térképezés II. (alapfogalmak)

ortológ-paralóg



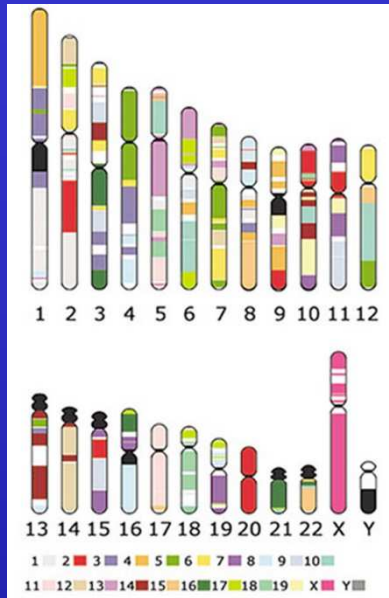
Synteny („egybeesés”) = ortológ lókuszek két különböző faj azonos kromoszómáján helyezkednek el

Colinear = a lókuszek két különböző faj azonos kromoszómáján konzervált sorrendben helyezkednek el
(nem helyesen manapság a kettőt azonos értelemben használják!)

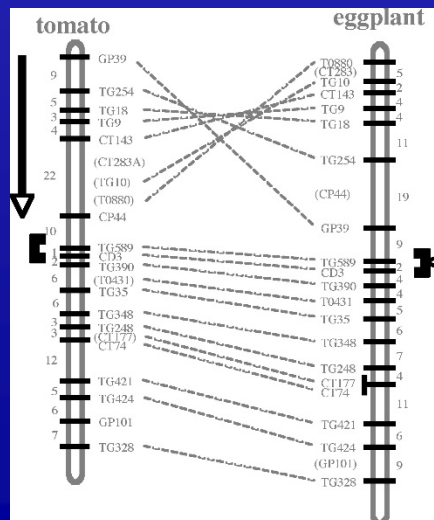
Macrosynteny = markerek sorrendjének konzerváltsága kromoszómaszinten

Microsynteny = markerek sorrendjének konzerváltsága kisebb genomi szakaszon

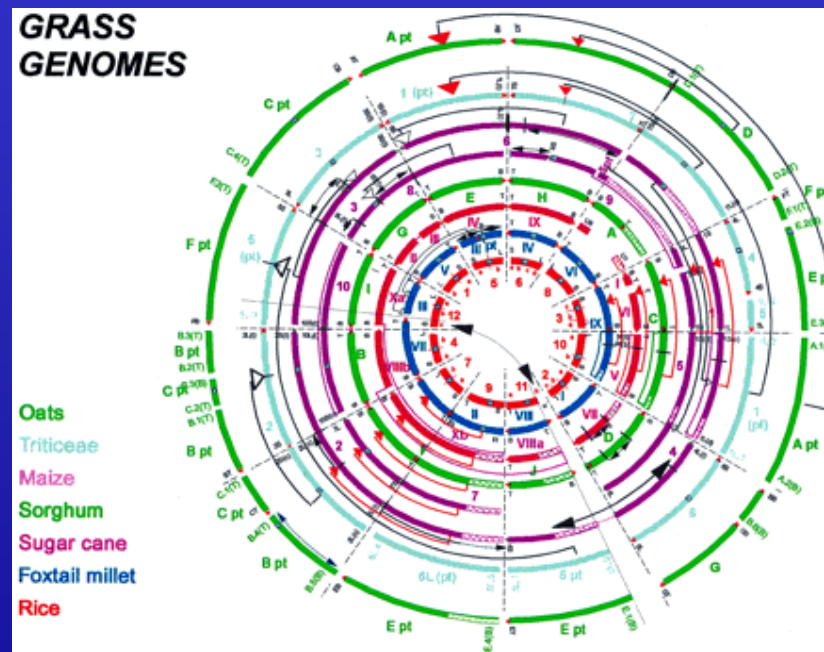
Összehasonlító genetikai térképezés III.



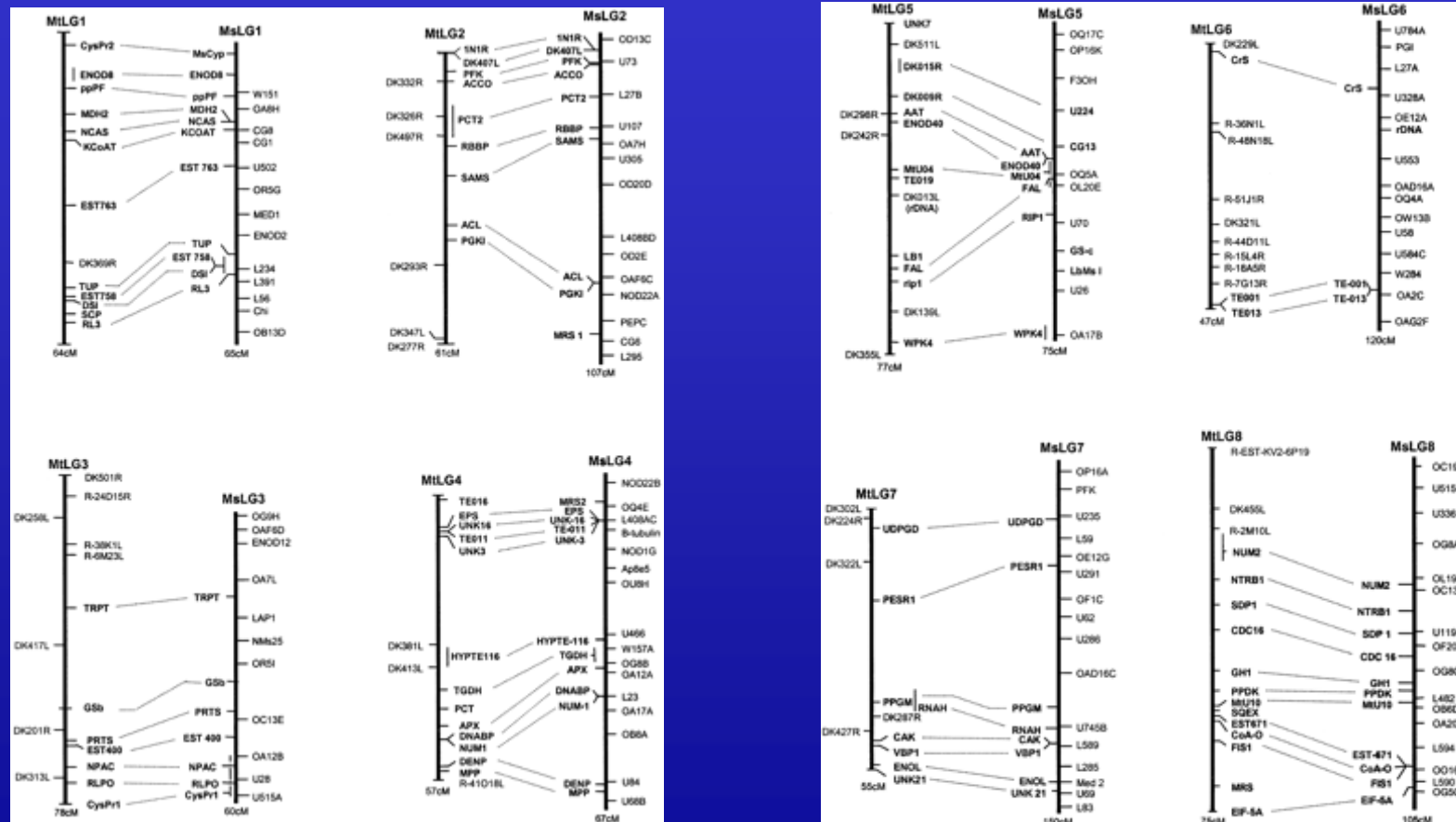
Macrosynteny humán és egér genom között



Inverzió egy paradicsom és padlizsán kromoszóma esetében

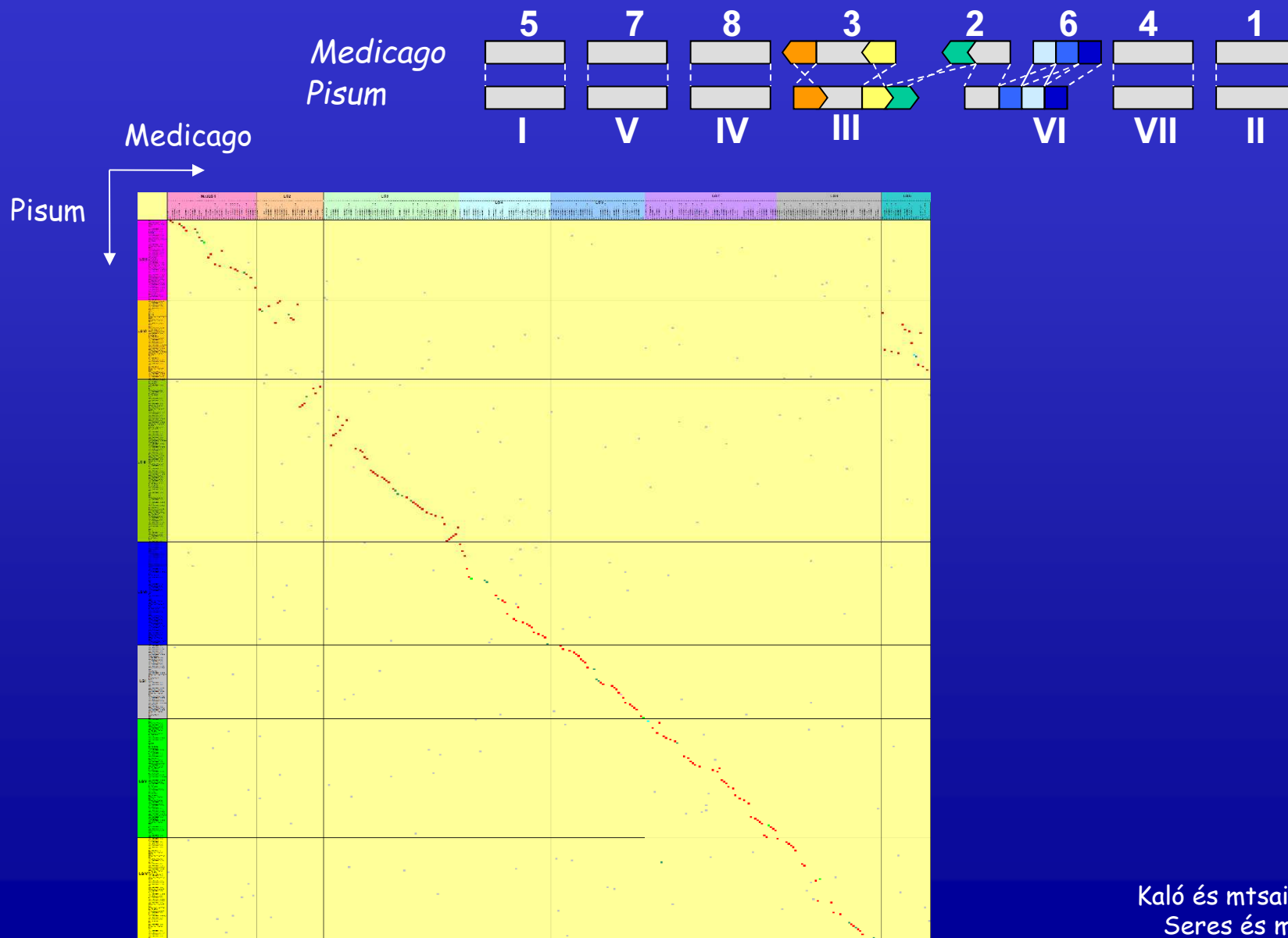


Összehasonlító genetikai térképezés IV. (*Medicago sativa* és *M. truncatula*)

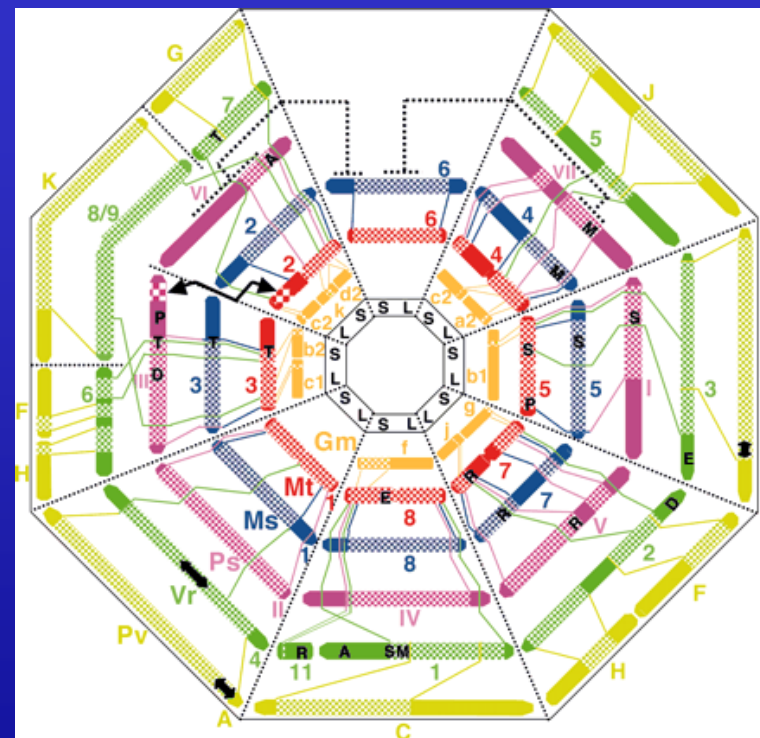
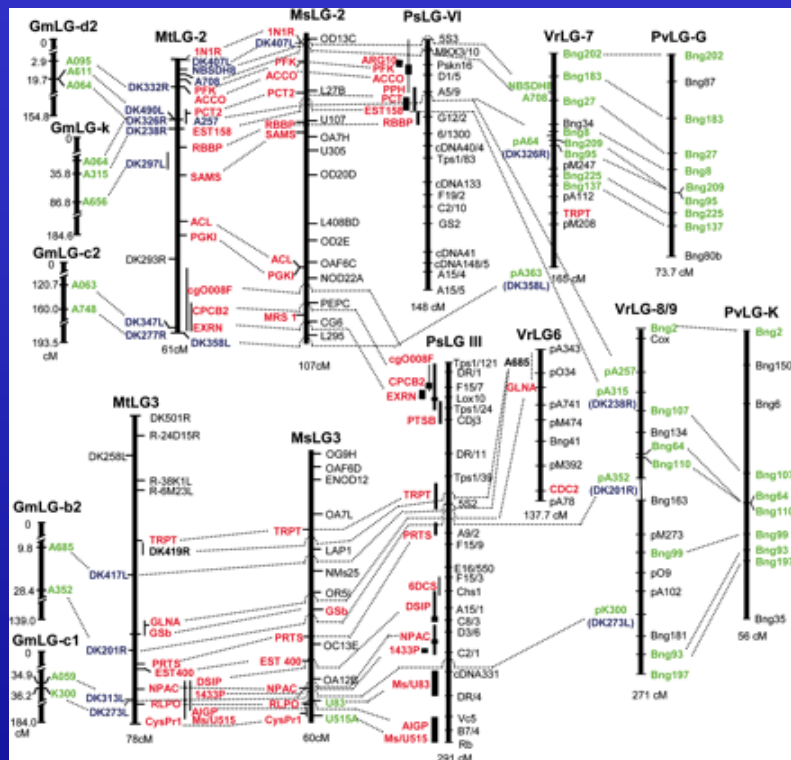


(Choi és mtsai. 2004)

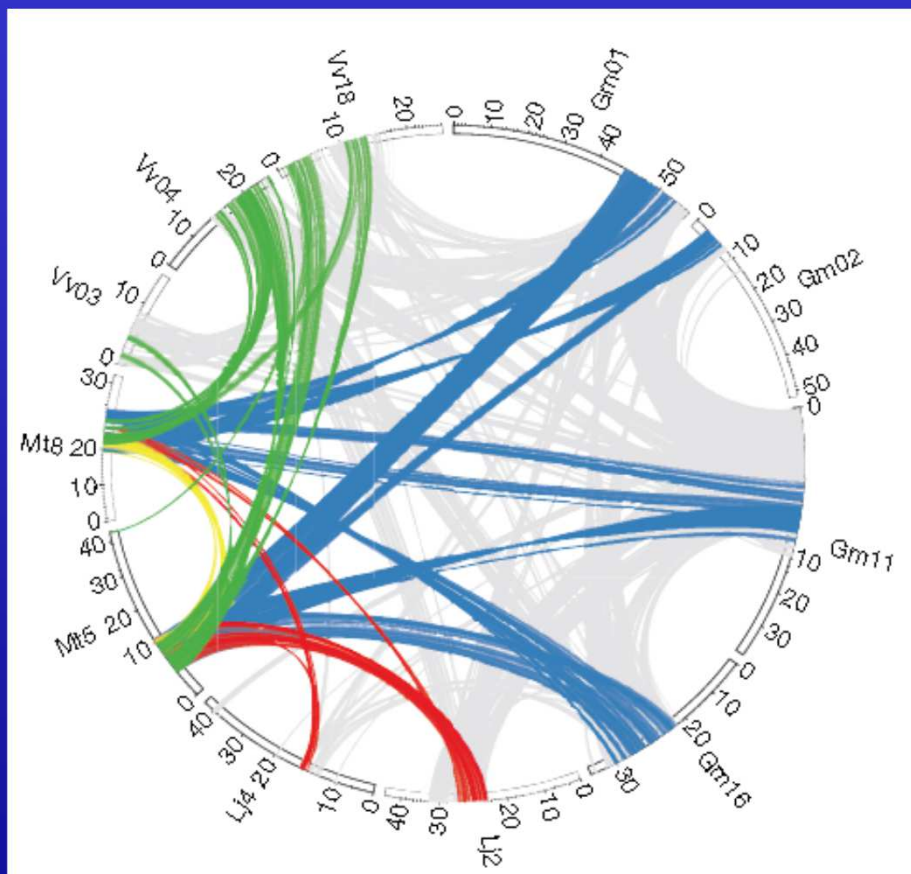
Összehasonlító genetikai térképezés V. (Medicago - borsó)



Összehasonlító genetikai térképezés VI. (pillangósok)



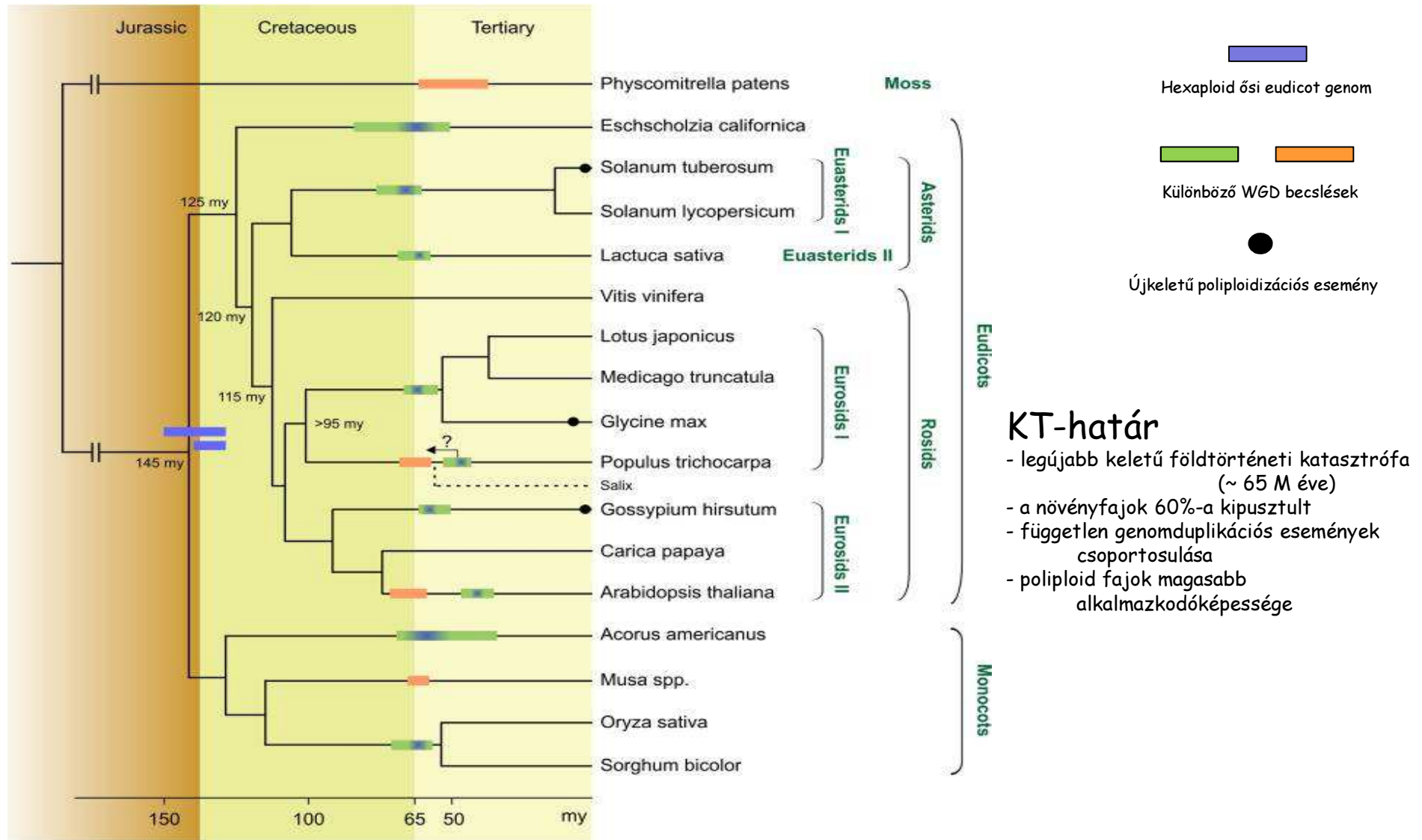
Genom összehasonlítás teljes genomszekvencia felhasználásával



Medicago truncatula chr5 és chr8
(Young et al. 2011, Nature)

sárga - Mt5 és Mt8 szintenikus régió
piros - *Lotus japonicus*
kék - szója
zöld - szőlő

Poliploidizáció a zárvatermők evolúciója során

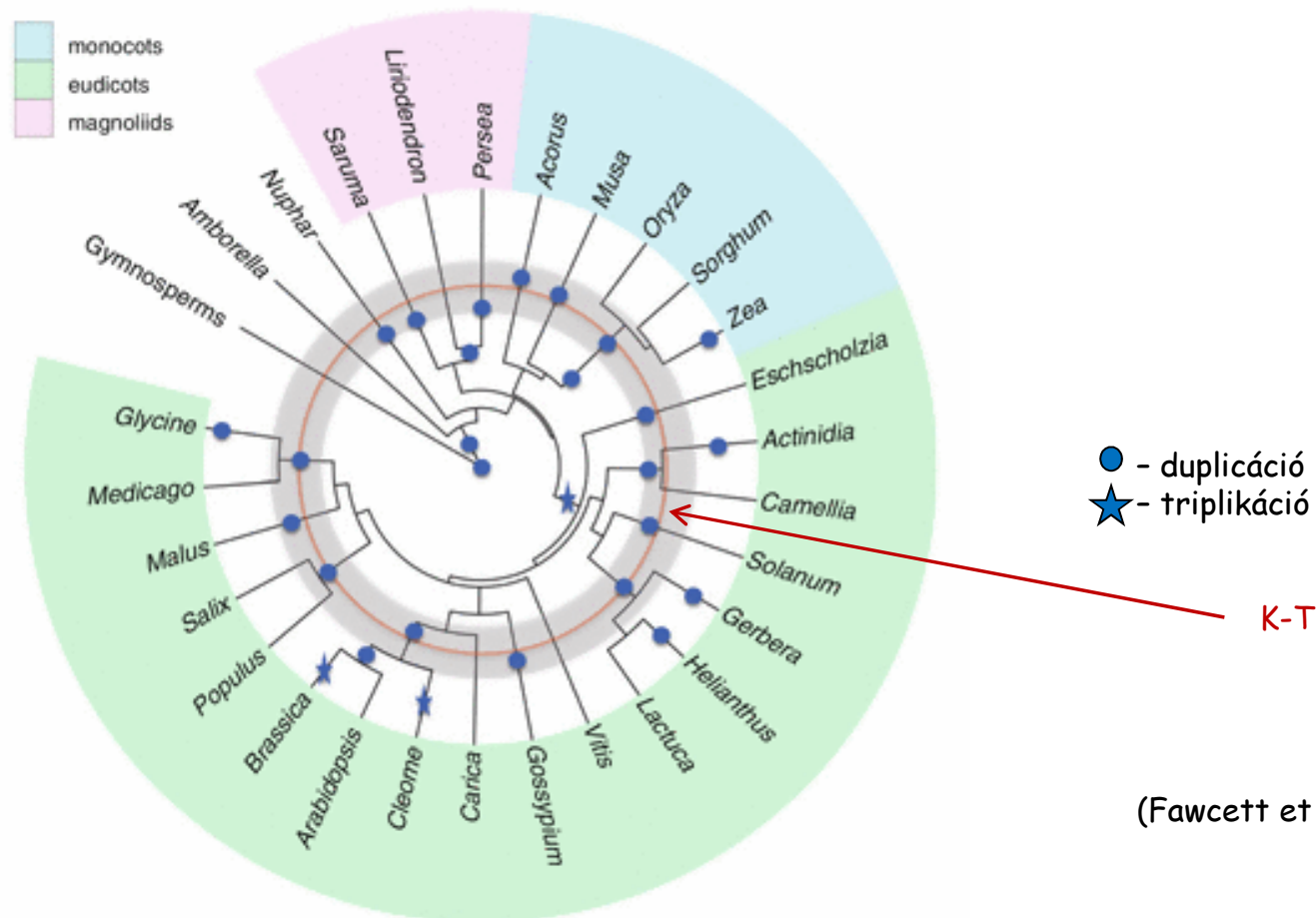


KT-határ

- legújabb keletű földtörténeti katasztrófa (~ 65 M éve)
- a növényfajok 60%-a kipusztult
- független genomduplikációs események csoportosulása
- poliploid fajok magasabb alkalmazkodóképessége

Poliploidizáció a növények evolúciója során

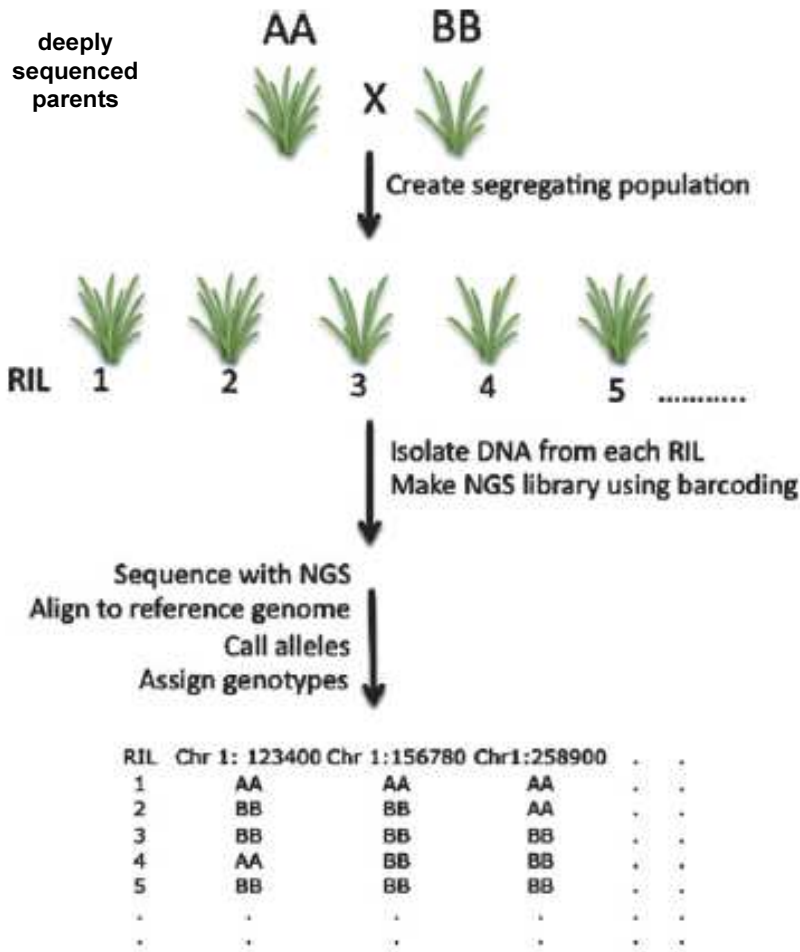
- a fajok 35%-a neopoliploid
- a legtöbb faj az evolúció során többször átment poliploidizációs eseményen
- életképes aneuploid variánsok
(allopoliploidizációt követően gyakran - hexaploid búza)
stabil búza vonalak hiányzó homeológ kromoszómákkal



(Fawcett et al. 2013)

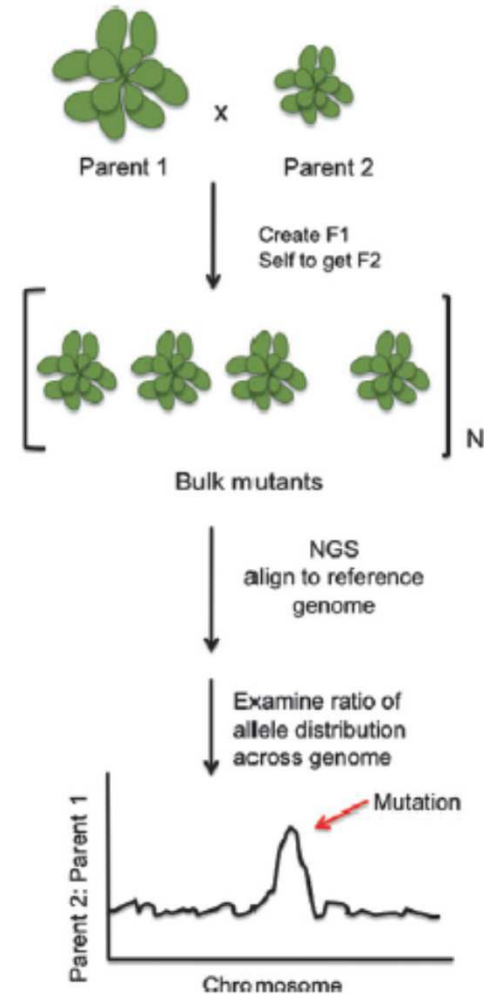
NGS alkalmazása a növényi biotechnológiában

Genetikai térképezés szekvenálással



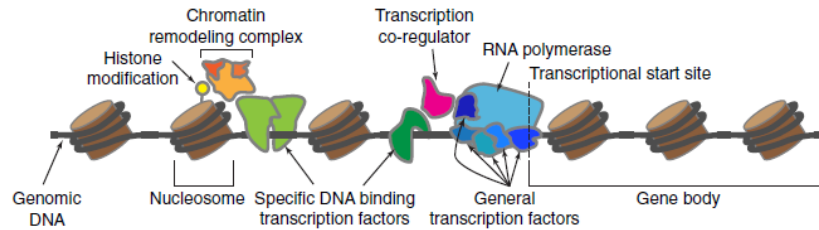
pl. borsó RIL populáció genotipizálása
szekvenálással Boutet BMC Genomics 2016

Mutációt okozó allél azonosítása egy genetikai screenben

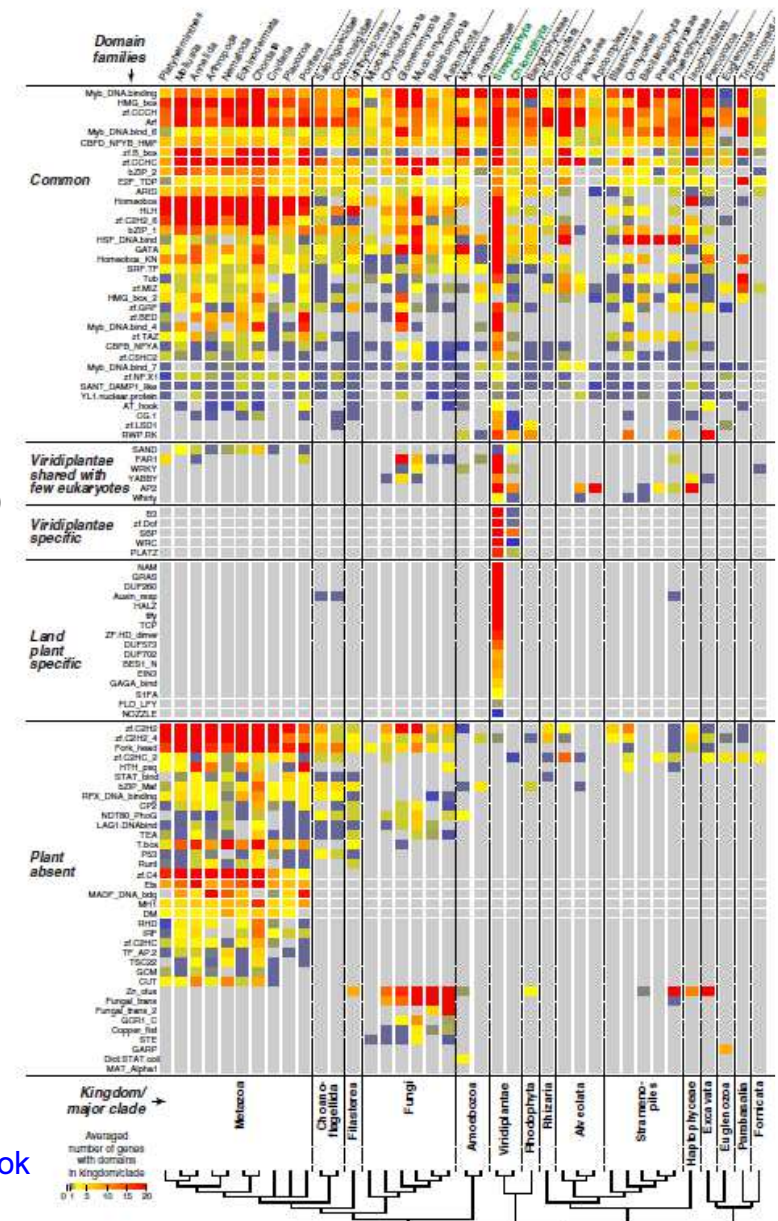


Hamilton and Buell 2012 Plant J

Transzkripciós faktorok (TF) genom szintű vizsgálata I.

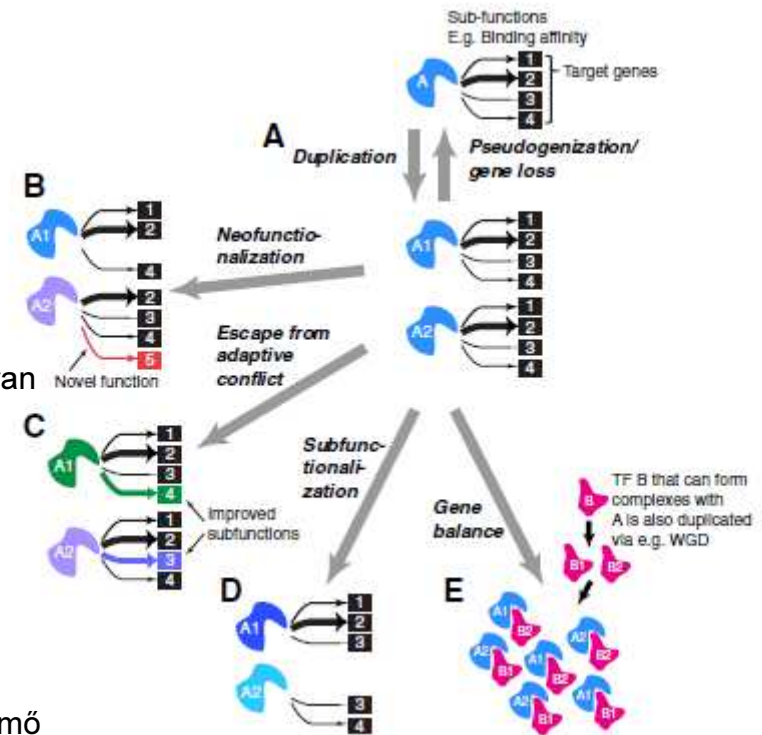


- TF – DNS-kötő domén (DBD); gén expresszió szabályozása
- az élőlények fejlődési, morfológia, fiziológiai funkcióit szabályozzák
- növények - helyhez kötött életmódot folytatnak
- 1500-2000 gén/növényi genom (151 *Ostreococcus tauri*; > 4000 *Glycine m.*)
- > 50 géncsalád
- génduplikáció - alkalmazkodás, új funkciók, diverzitás
- elegendő mennyiségű és minőségű genom szekvencia
- endophyta szennyezés; ha a csoport fajainak több mint 20%-ban előfordul
- 99 TF DBD géncsalád
- a növényi TF-ok közül
 - 36 közös a legtöbb eukarióta élőlényel
 - 6 közös a Viridiplantae és egy-két nagyobb eukarióta csoport között
 - 5 specifikus a Viridiplantae fajokra
 - 16 specifikus a szárazföldi növényekre } növény specifikus TF családok
 - 36 hiányzik a növényekből



Transzkripciós faktorok (TF) genomszintű vizsgálata III. Duplikálódott gének sorsa

- génduplikáció
 - elvesztés (teljes deléció vagy pseudogénné válás)
 - megmaradás
 - „biztonsági tartalék”
 - új funkció (virágszerkezet evolúciója)
 - eltérő alkalmazkodás
 - alfunkció kialakulása (eltérő mértékű funkcióvesztés/nyerés)
 - heteromer komplex, melynek tagjai duplikálódnak - „gén szimmetria” a sztöchiometirai egyensúly megtartására (gyakran nagyfokú expressziós hasonlóság; Arabidopsis gyökérben kifejeződő TF-ok)
- új tulajdonságok kialakulása/evolúciója, domesztikáció
 - MADS-box TF – virágstruktúra evolúciója - **ABCE** modell (BCE MADS-box)
 - A+E csészelevél, A+B+E szíromlevél, B+C+E porzó, C+E termő
 - domesztikáció
 - *teosinte branched1 (tb1)* TCP TF, erősebb expresszió kukoricában egy TE inszerció következtében (enhancer) nőivarú virágzat fejlődését segíti elő
 - a mag kipergését elindító TF gén deléciója (sorghum, rizs, stb.)



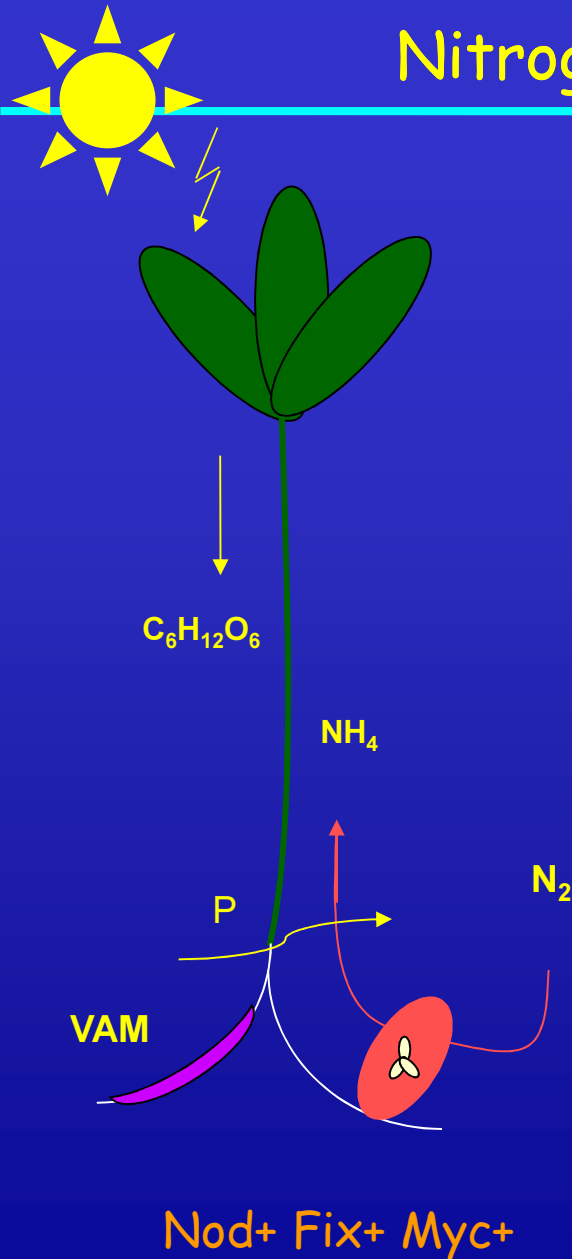
Génizolálás

- Kérdés: hogyan azonosítanánk egy gént egy komplex szerveződésű eukarióta genomban?

| | | |
|----------------------------|-------------|---------------------|
| Arabidopsis | 125 Mb/1C | ~25 000 gén |
| rizs | 430 Mb/1C | ~ 50 000 gén |
| humán | 3400 Mb/1C | 30 000 - 35 000 gén |
| búza | 16000Mb/1C | ~ 25 000 gén |
| gyapot | 2,200 Mb/1C | 50 000 - 80 000 gén |
| <i>Medicago truncatula</i> | 450 Mb/1C | ~ 30 000 gén |

- pl. mutagenézissel (transzpozonokkal egyből klónozzuk) de..
 - kicsi az egyedszám (nem tudunk elég utódot átnézni, mint mikrobáknál)
 - letális hatások
 - több helyre ugrik a transzpozon
 - szekvenálással megoldható
 - csak a mi génünkbe nem ugrik a transzpozon.. stb. MIT CSINÁLJUNK??
- kapcsoltsági analízissel
 - mihez legyen kapcsoltság? - **MARKEREK**
 - hogyan határozzuk meg a kapcsoltságot? **GENETIKAI ANALÍZIS**

Nitrogénkötő szimbiotikus kapcsolat



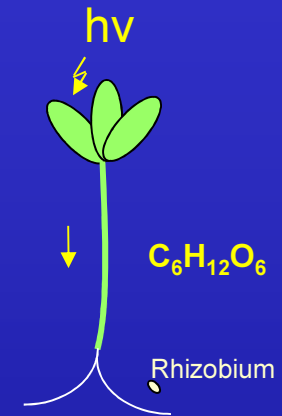
mutációk

Ms-MN1008

Mt dmi1, dmi2, dmi3, nsp2, nsp2, nfp, lin, ipd3, stb.

Ps sym10; Ps sym19, stb.

Lj sym1; Lj sym2; sym5, stb.

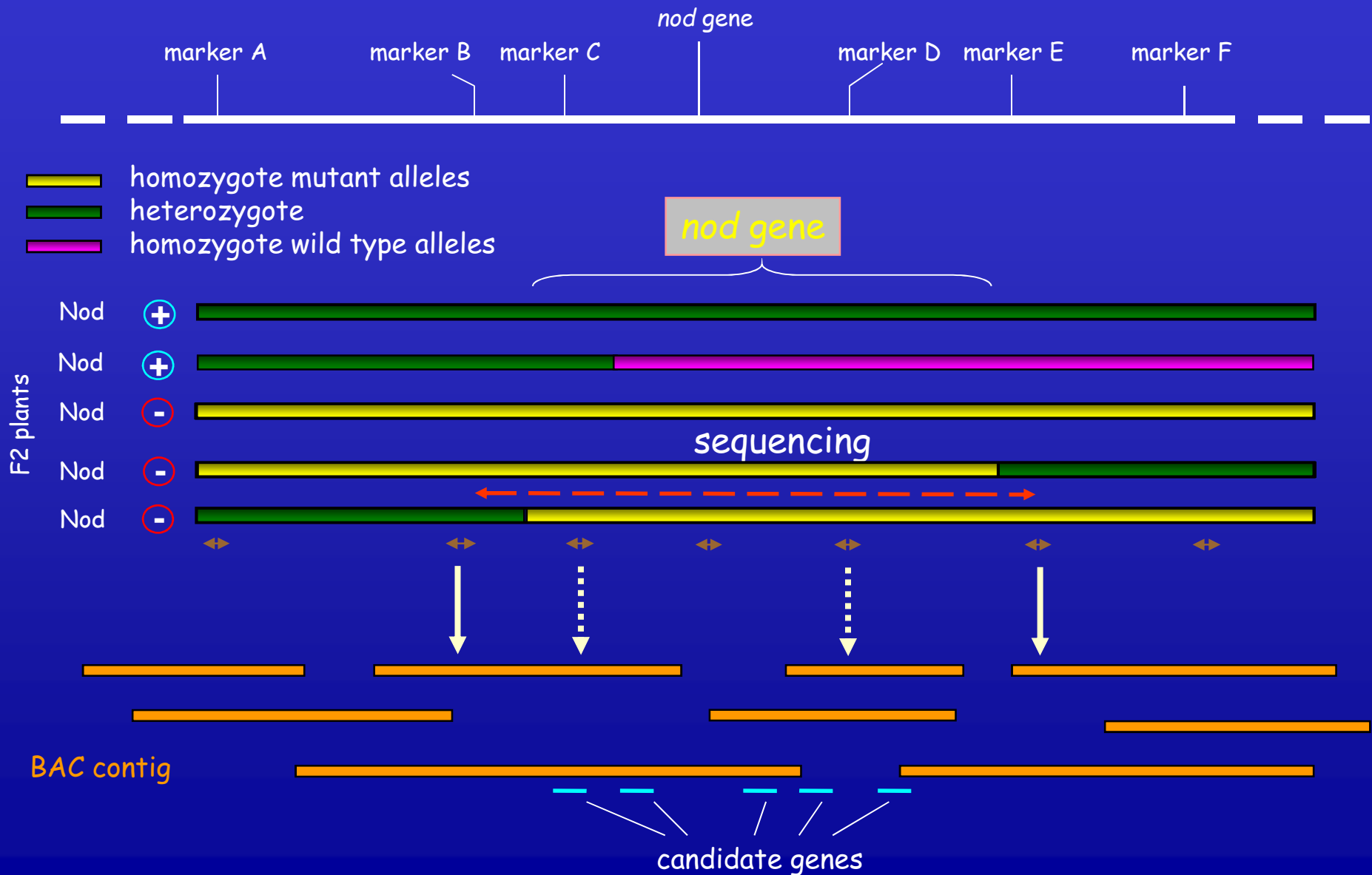


Nod- Myc-/+

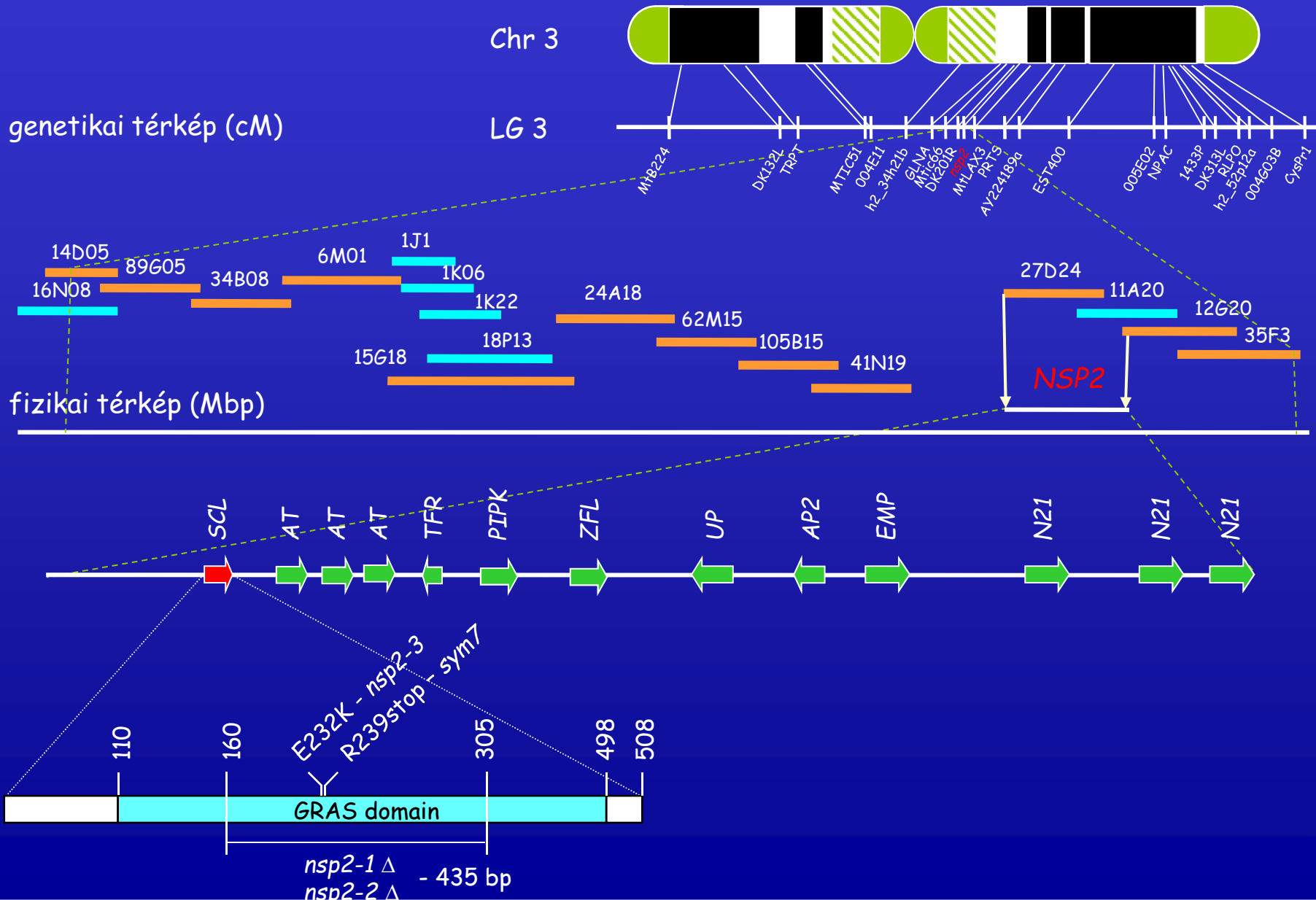
Nod+ Fix- Myc-/+

cél: a szimbiotikus nitrogénkötés biológiai folyamatának megismerése

Génklónozás - térképezésen alapuló génizolálás stratégiája

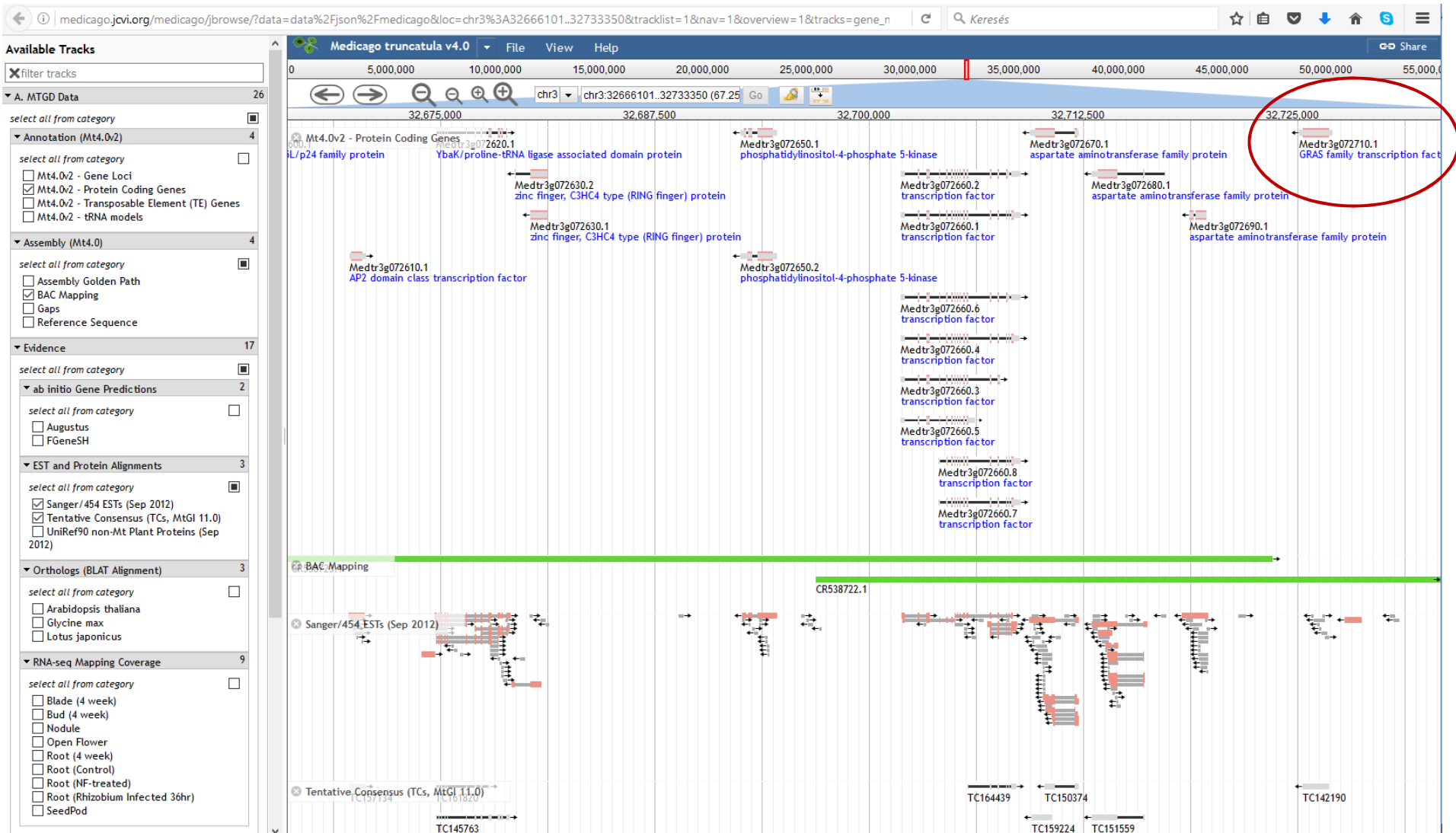


Az MtNSP2 gén térképezésén alapuló izolálása



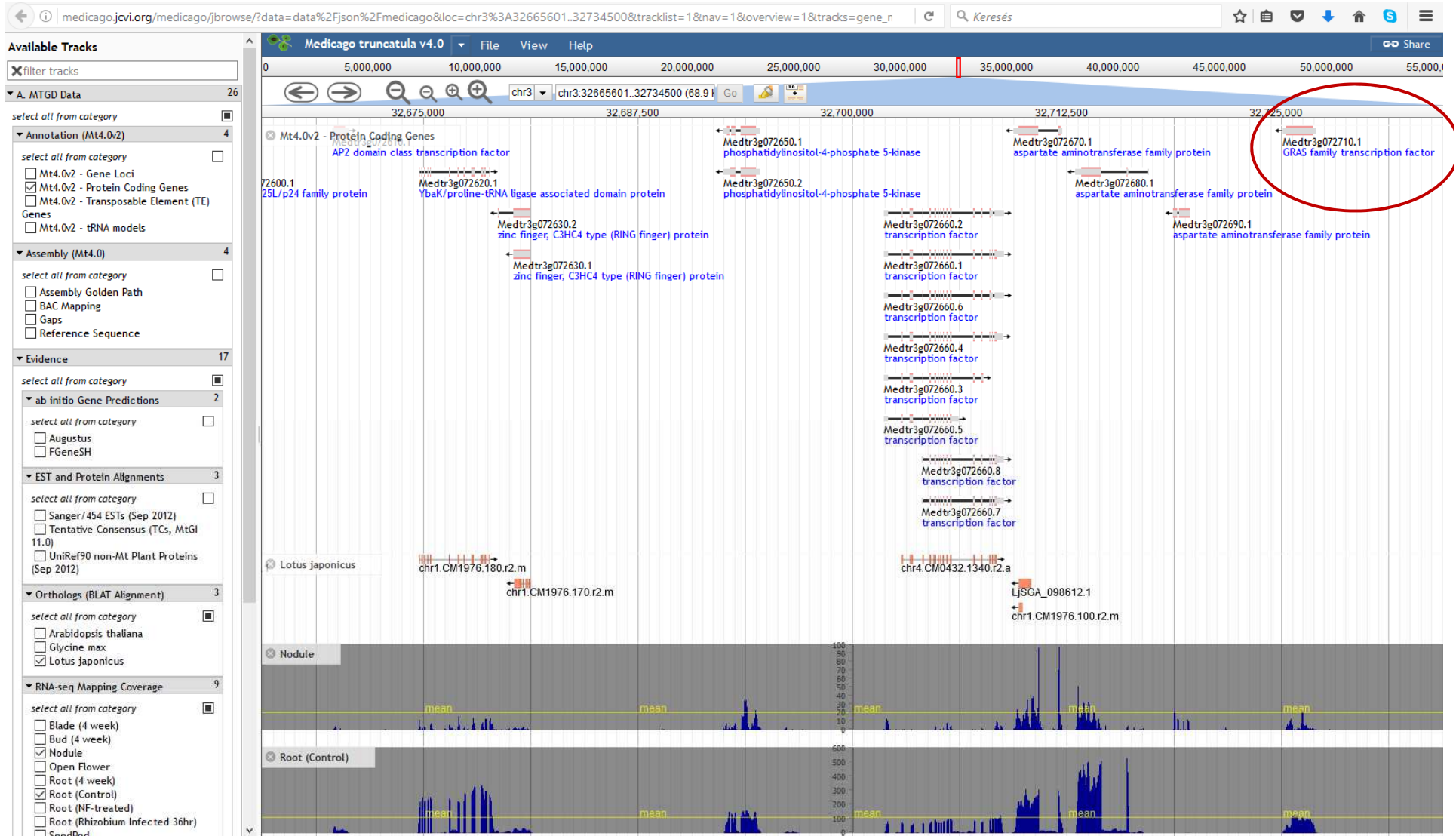
Az MtNSP2 gén környezete a *M. truncatula* GenomeBrowser-en megjelenítve I.

<http://medicago.jcvi.org/medicago/index.php>

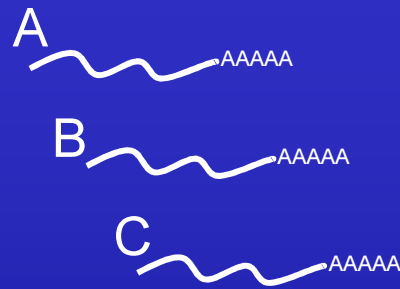
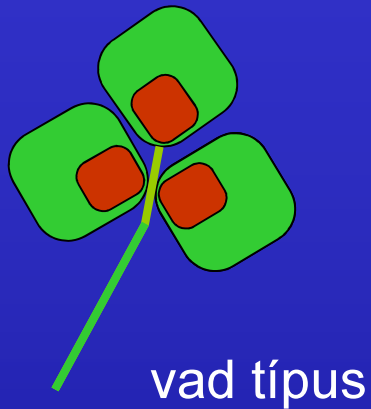


Az MtNSP2 gén környezete a *M. truncatula* GenomeBrowser-en megjelenítve II.

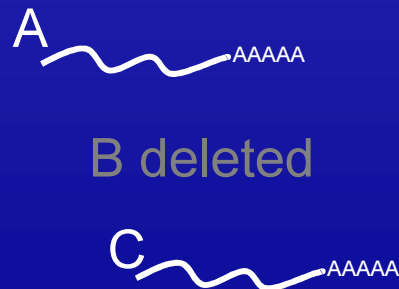
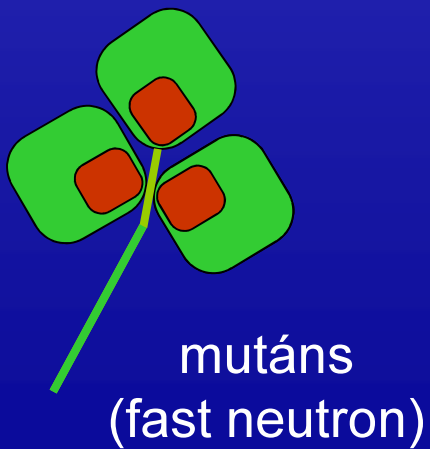
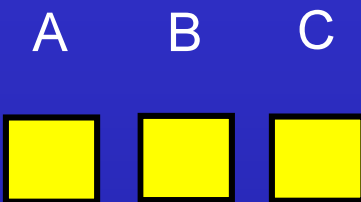
<http://medicago.jcvi.org/medicago/index.php>



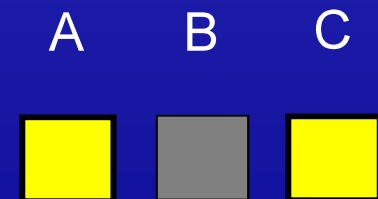
Deléciók genetikai térképezése 1. Transzkripció mintázat alapján történő klónozás (Affymetrix gene chip)



CHIP 1

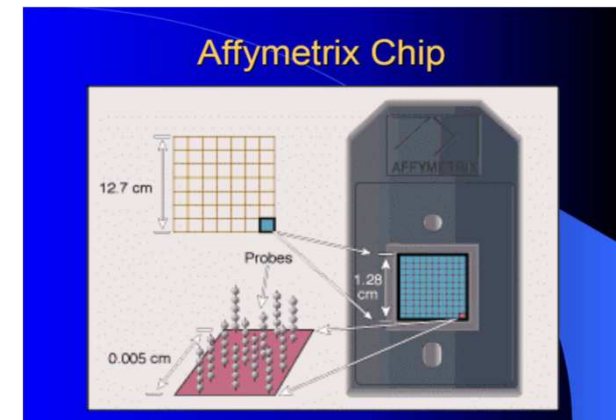


CHIP 2

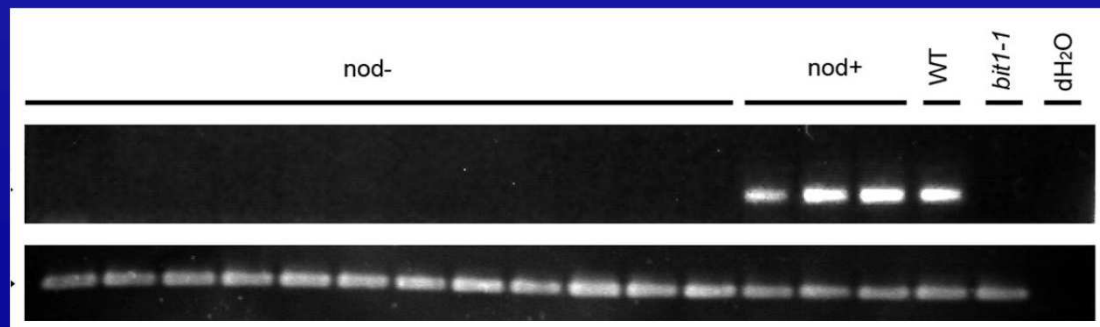
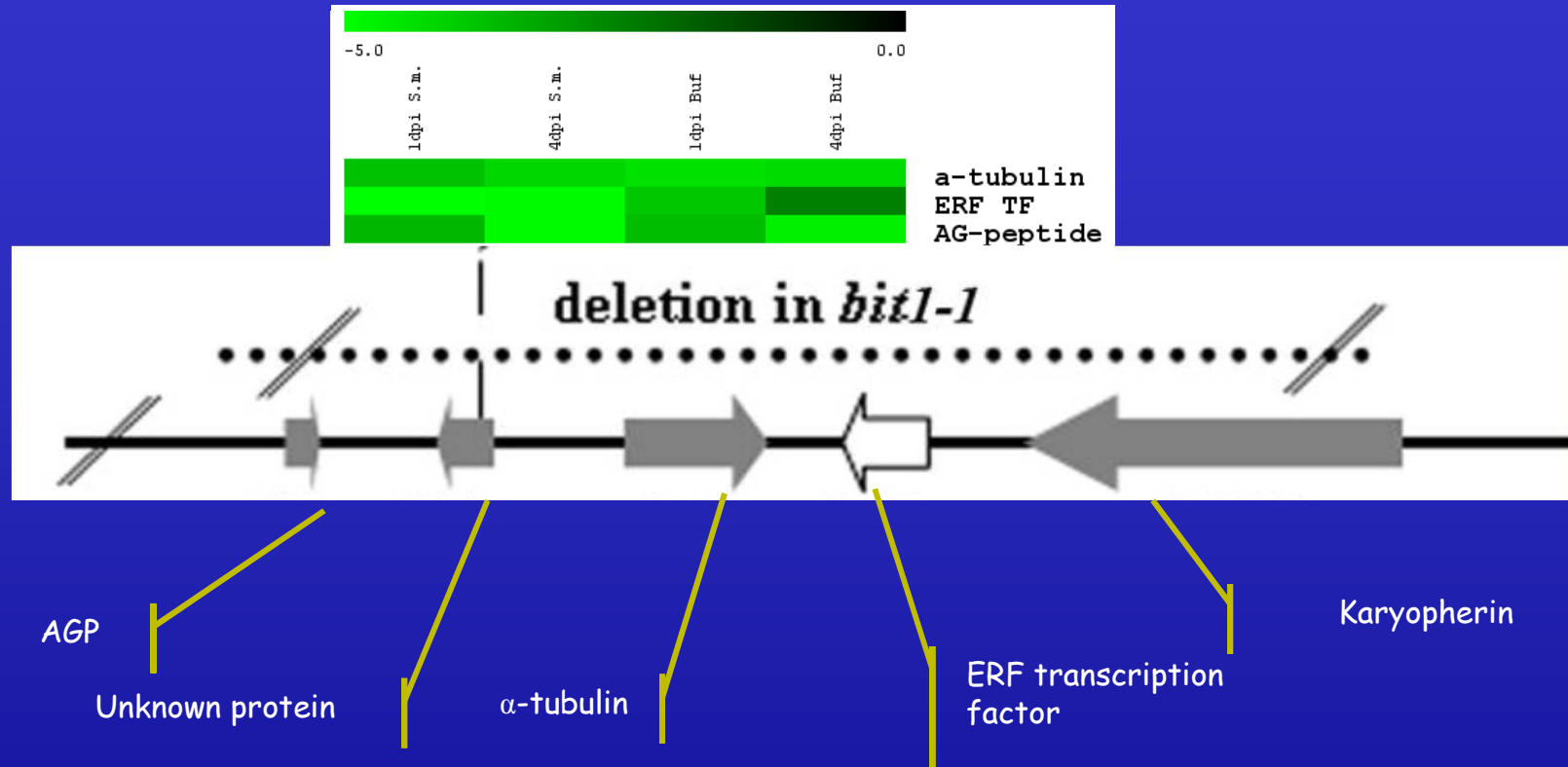


Transzkripció mintázat alapján történő klónozás (Affymetrix gene chip)

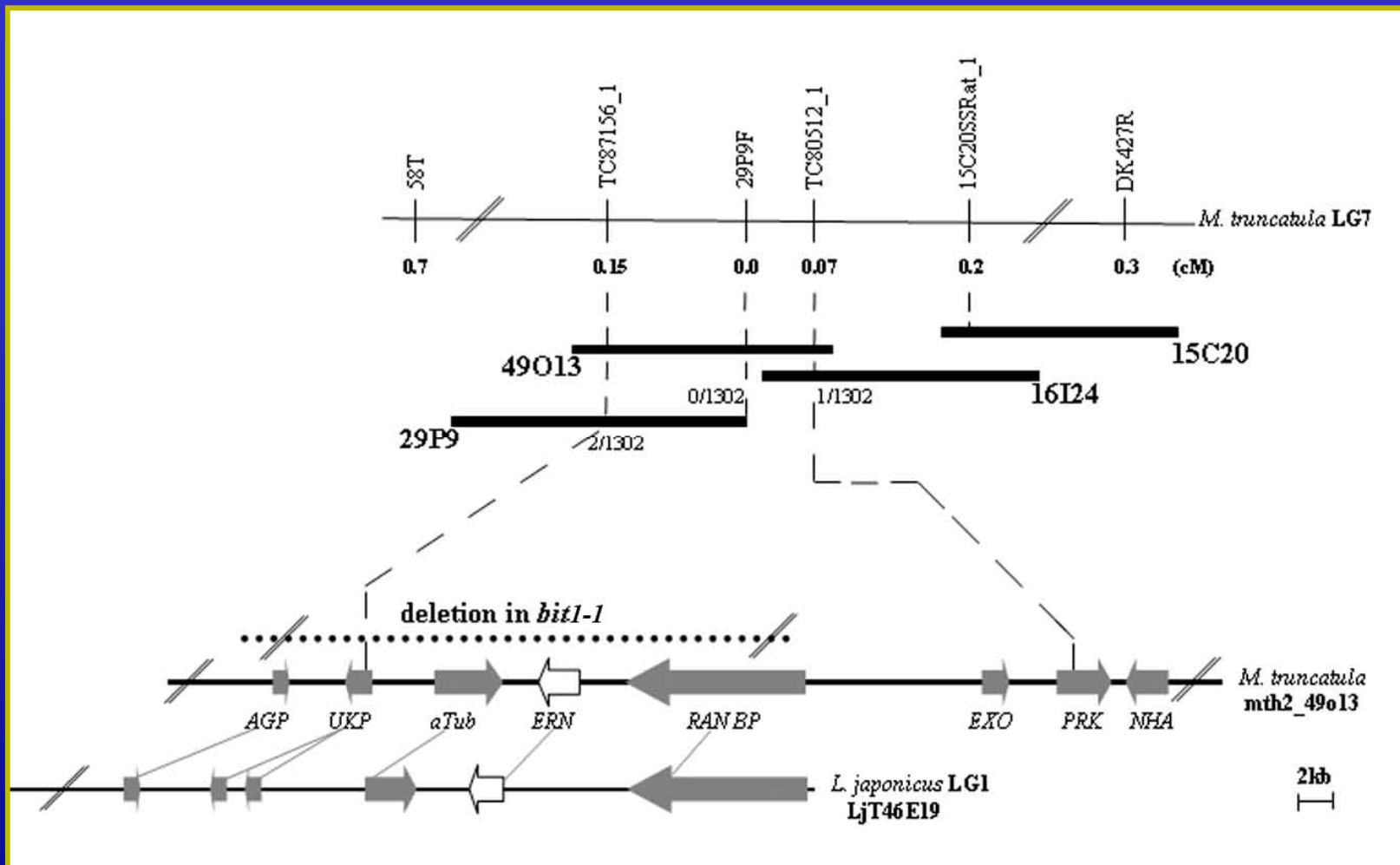
- minden egyes gént 16-20 szintetizált próbapár képvisel
- egy-egy próbapár egy tökéletesen párosodó (PM) és egy „mismatch”-et (MM) tartalmazó oligonukleotidból áll
- egy vizsgált génre a PM és a MM oligonukleotidok jelerősségei közötti átlagos különbségek adják az eredményt
- a Medicago Affymetrix gene chip 61 200 probe set („gént”) tartalmaz
 - 32 167 *M. truncatula* EST/mRNA
 - további 18 733 prediktált gént
 - 1 896 lucerna (*M. sativa*) EST
 - 8 305 *Sinorhizobium meliloti* gént ill. prediktált gén



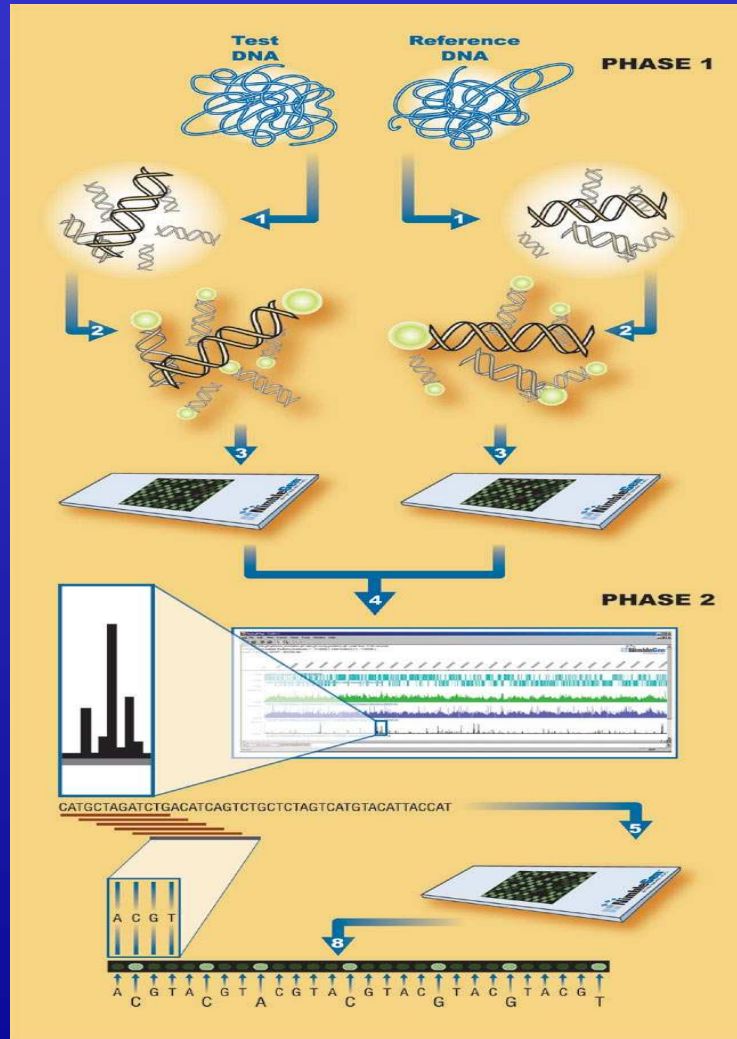
Az *MtERN1* (*bit1-1* mutáns) gén transzkripció mintázat alapján történő azonosítása



Az *MtERN1* (*pdl* mutáns) gén térképezésén alapuló klónozása



Deléciók genetikai térképezése 2. Oligonucleotide Array Comparative Genomic Hybridization (oaCGH)



CGS - Comparative Genome Sequencing

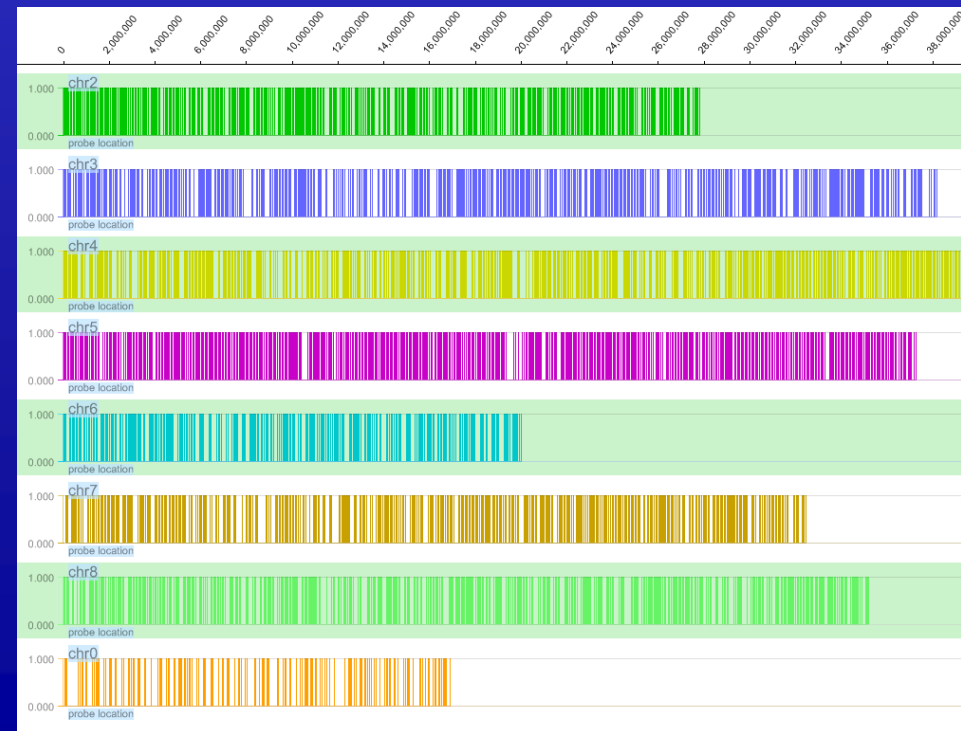
Medicago truncatula - Oligonukleotidok

- exon 150bp
- intron/utr 300bp
- unigenes ≥ 1000 bp 300bp

Deléciók kimutatása

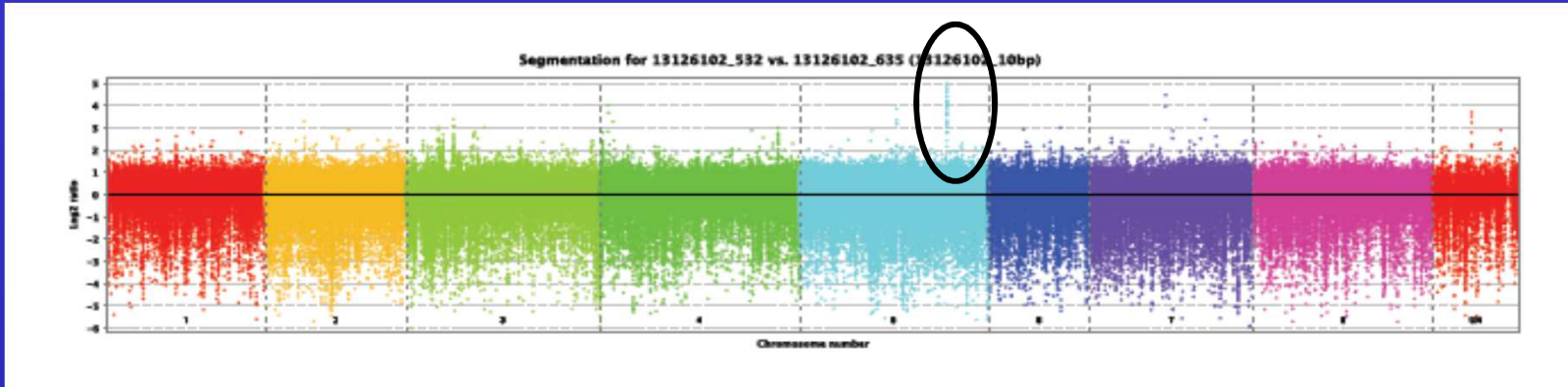
Egy és több kópiás amplifikáció kimutatása

Transzlokáció kimutatása

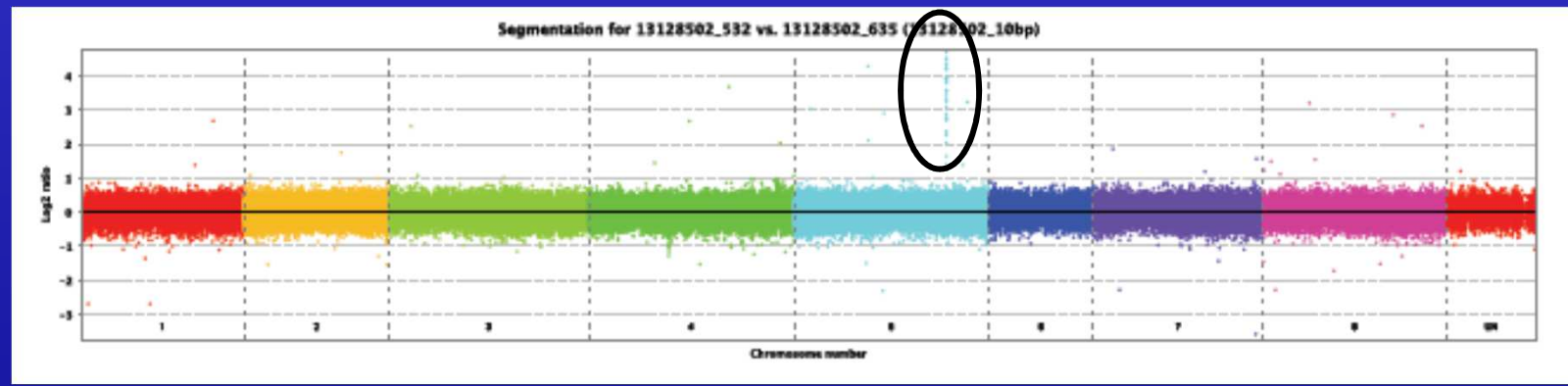


oaCGH vizsgálat *M. truncatula* növényeken

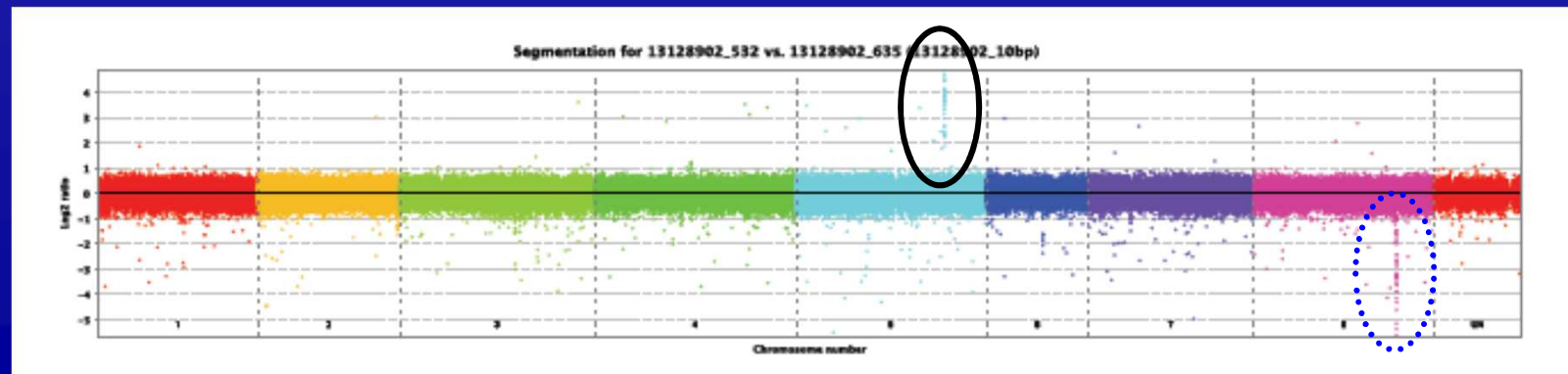
R108



PIN2



FNB#4



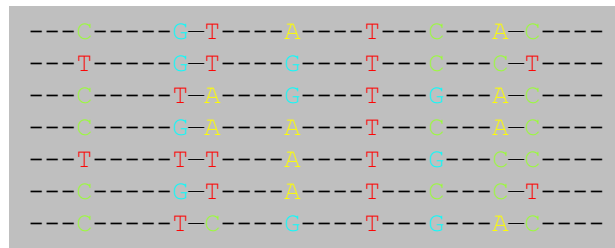
GWAS (Genome-Wide Association Studies)

vagy WGA study (whole genome association study)

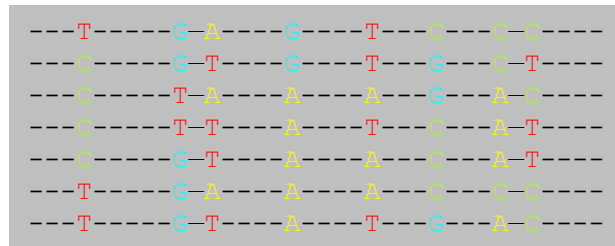
Mi a GWAS? - A genetikai változatosság és egy tulajdonság kapcsolatának vizsgálata egy genomon belül.

SNP-ék a genomban

vizsgált
tulajdonságra
kiemelt egyedek



kontrol



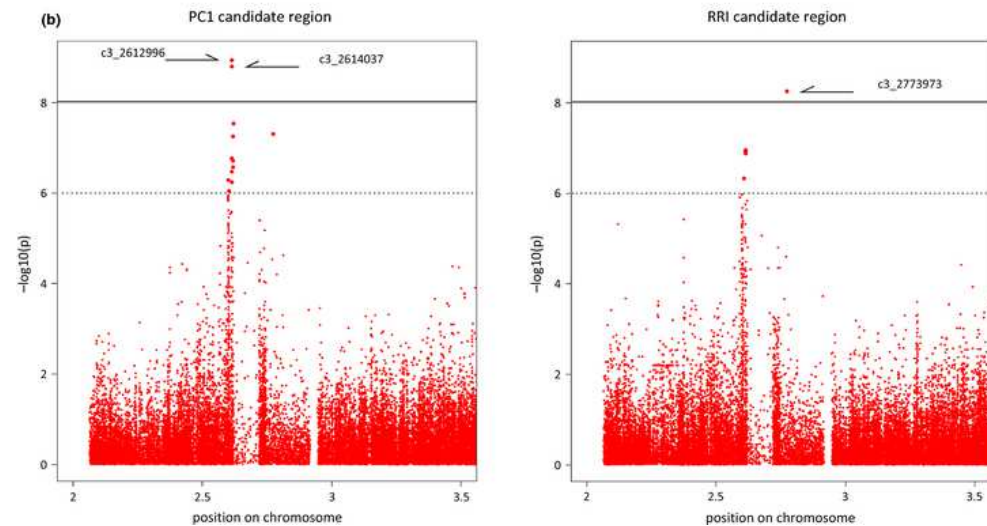
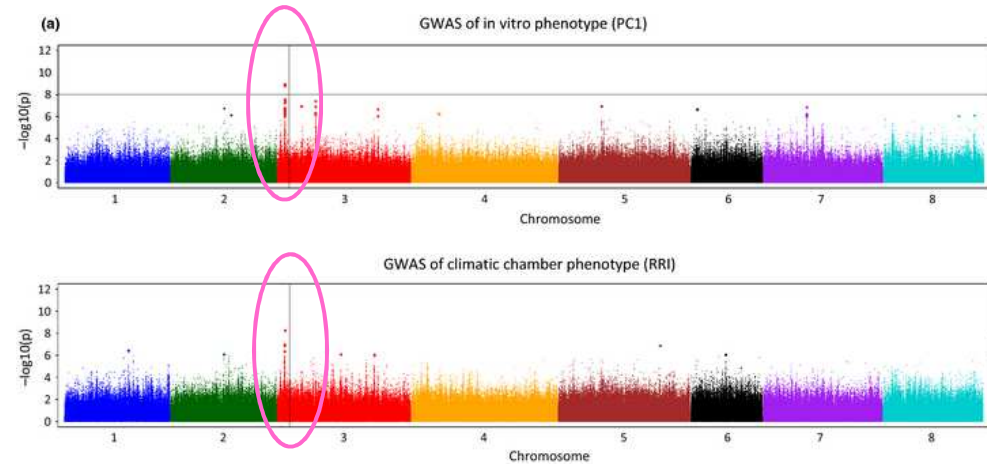
- Populációs csoportok kialakítása
- Teljes genom genotipizálása
- GWAS
- Fine mapping
- Jelölt gének keresése.
- Polimorfizmus azonosítás.
- Fenotípusért felelős SNP

GWAS - *Aphanomyces euteiches* elleni rezisztenciát biztosító génvariánsok azonosítása *Medicago truncatula*-ban I.

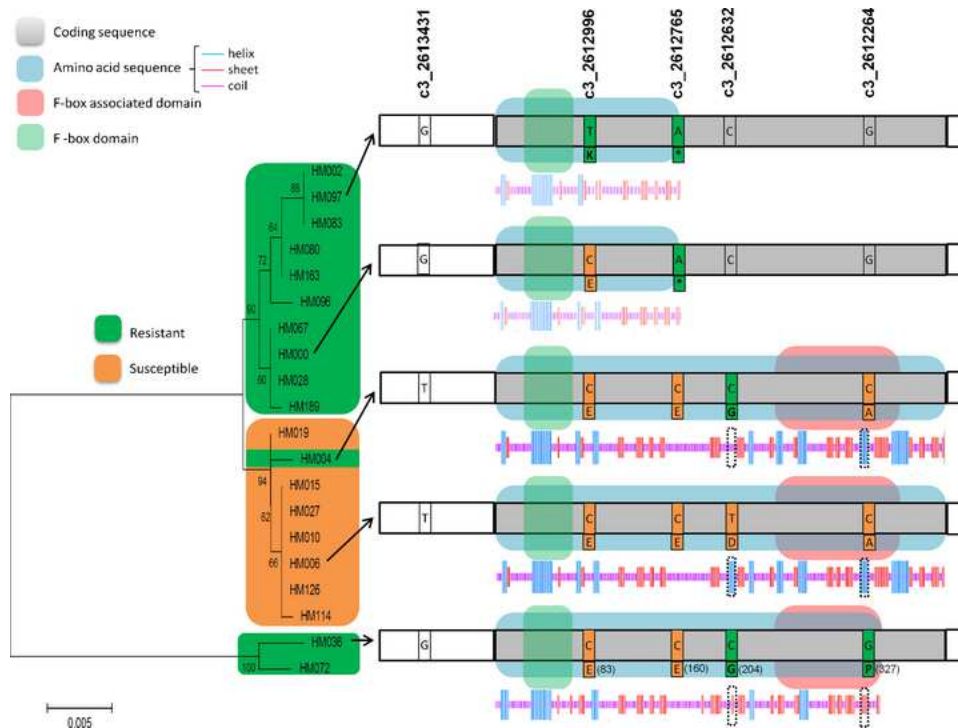


Bonhomme et al. 2014 New Phyt

- Két fenotipizálási módszer (*in vitro* és növénynevelő kamra)
- *M. truncatula* HapMap Project - 288 ökotípus (www.medicagohapmap.org)
- 16 515 723 SNP vizsgálat
- 2 SNP-t azonosítottak GWA vizsgálattal egy F-box proteint kódoló gén kódoló régiójában és promóterében



GWAS - *Aphanomyces euteiches* elleni rezisztenciát biztosító génvariánsok azonosítása *Medicago truncatula*-ban II.



Filogenetikai fa az F-box gén 1185 gb-os genomi szekvenciában azonosított 65 SNP alapján

Bonhomme et al. 2014 New Phyt

- Két fenotipizálási módszer (*in vitro* és növénynevelő kamra)
- *M. truncatula* HapMap Project - 288 ökotípus (www.medicagohapmap.org)
- 16 515 723 SNP vizsgálat
- 2 SNP-t azonosítottak GWA vizsgálattal egy F-box proteint kódoló gén kódoló régiójában és promóterében (chr 3)
- Nem azonosítottak a szenzitív és rezisztens vonalak között expressziós különbséget az *F-box* gén esetében
- a nem működő *F-box*-ot hordozó allélek a rezisztensek
- *F-box* protein a rezisztencia negatív regulátora

GMO I.

- *GM* vagy *GMO*: genetically modified organism - génmódosított, genetikailag módosított vagy „génkezelt” élőlény
(hagyományos mutagének, poliploidizáció, keresztezések? genomszerkesztés?)
génmanipulált?
- **Géntechnológia alkalmazásával előállított módosított genetikai állományú élőlény**
 - transzgenikus: nem rokon fajtól származó genetikai információ
 - ciszgenikus: azonos vagy rokon (pl. vad) fajtól származó genetikai információ
- **A transzgenikus növények nélkülözhetetlenek a gének szerepének kutatásában**
- **Mikroorganizmusok**: az iparban elterjedt a használatuk - vakcinák, gyógyszerek, táplálékkiegészítők, vitaminok, enzimek, adalékanyagok, stb., pl. B2 és C vitamin, citromsav, lizozim, α -amiláz, (keményítő -> cukor), kimozin (sajtgyártás), inzulin, növekedési hormon, véralvadási faktorok
- **Állatok**:
 - omega-3 disznó (omega-3 zsírsav termeltetése egy nematóda gén beültetésével, 2006)
 - ENVIROPIG - jobb foszforhasznosítás (Canada, 1999)
 - megváltozott összetételű ill. szerkezetű tejet adó kecske
 - növekedési hormon termeltetése halakban (lazac, ponty, stb.)

GMO II.

- Növények:

- **Első generációs GMO:** termelőnek/fajtatulajdonosnak kedvező tulajdonság bevitele [herbicidrezisztencia (pl. glifozát), kártevő elleni rezisztencia (Bt toxin, vírusrezisztencia), ipari szempontból kedvező tulajdonságot hordozó növény - szinte kizárólag ilyenek vannak köztermesztésben



Bt toxint
hordozó kukorica



glifozát rezisztens
szója

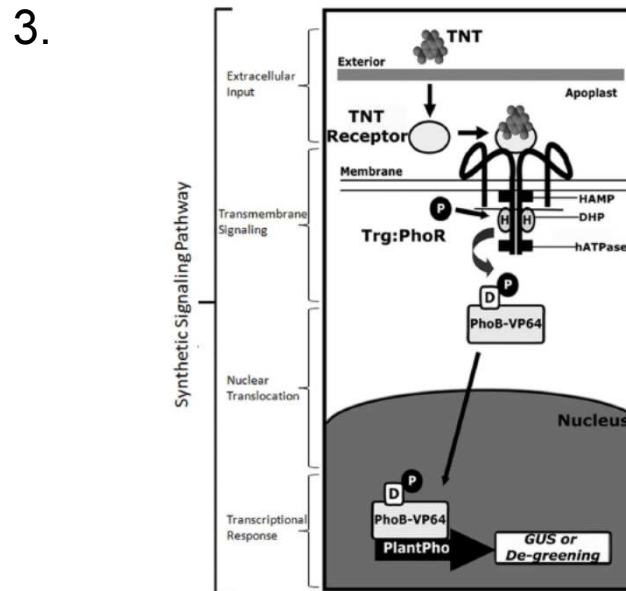
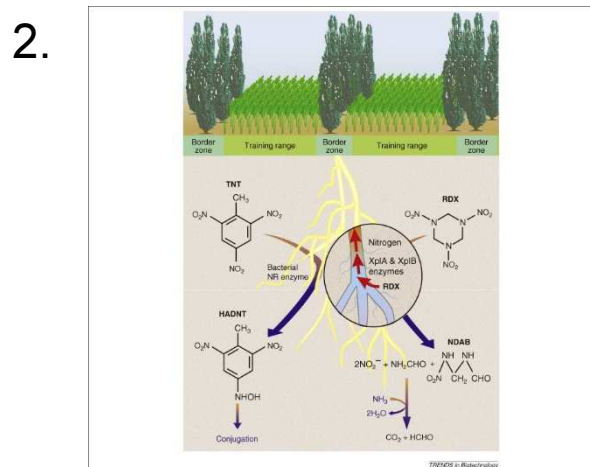
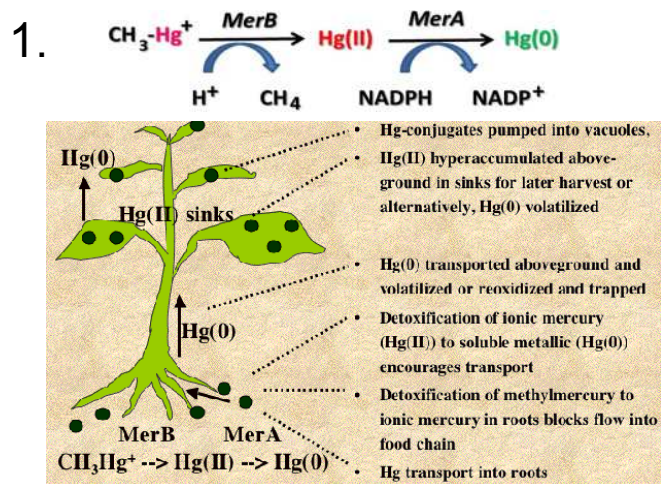
- **Második generációs GMO:** előnyös táplálkozási vagy élettani tulajdonsággal bíró növények (fogyasztó számára kedvező tulajdonság, pl. Lys/Trp összetétel megváltoztatása, Golden Rice)



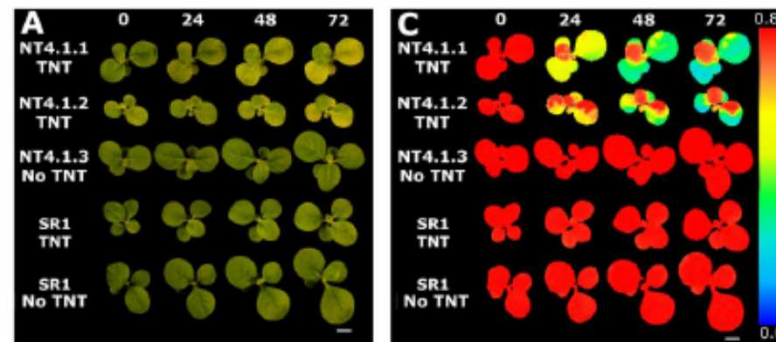
GMO III.

• Növények:

- Harmadik generációs *GMO*: hideg-, és szárazságtűrő fajták
- Negyedik generációs *GMO*: gyógyszer-, és enzimtermelő fajták (bioreaktorok), fitoremedáció (1., 2.) , bioüzemanyag, növényi szenzorok (TNT)



PlosOne 6:e16292 (2011)



GMO IV.

A kezdet - 1994, USA

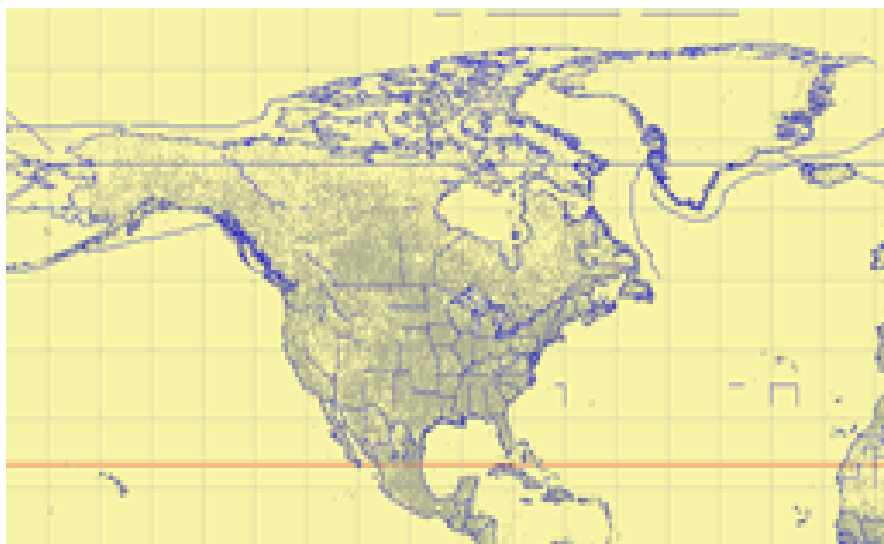
Az első szabadföldi termesztésbe és kereskedelmi forgalomba kerülő genetikailag módosított növény - UC Davis egyetem és a Calgene cég, későbbi tulajdonos - Monsanto



A Flavr Savr egy olyan paradicsom, amely a genetikai módosítás hatására tovább megőrizte frissességét, az érett termés lassabban puhult meg (sejtfal pektinjének lassított lebomlása). Termesztését 1997-ben megszüntették.

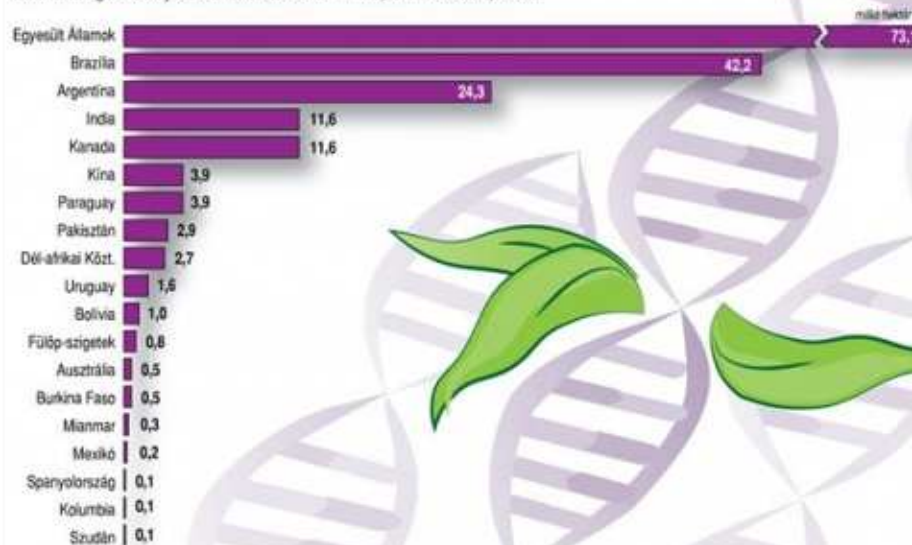
Zeneca - csökkentett víztartalmú, pürének alkalmas módosított paradicsom. 1996 és 1999 között 1.8 M tonna pürét adtak el az Egyesült Királyságban.

Genetikailag módosított növények termesztése



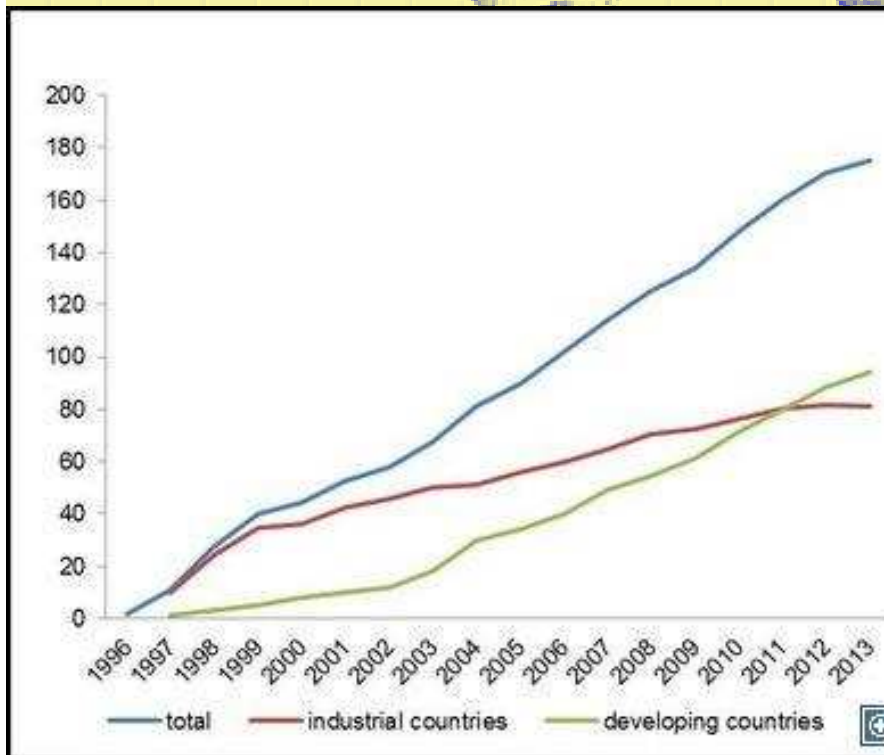
A genetikailag módosított növények vetésterülete a világon, 2014

A világon 28 országban termesztnek genetikailag módosított (gm) növényeket.
2014-ben a gm-növények vetésterülete összesen 181,5 millió hektár, ebből:



0,1 millió hektár alatti vetésterület: Banglades, Chile, Costa Rica, Csehország, Honduras, Kuba, Portugália, Románia, Szlovákia

Forrás: ISAAA, MTFA Szépi- és Földművelésügyi Minisztérium | www.mti.hu



2007: 114,3 millió ha
 2008: 125 millió ha
 2009: 134 millió ha
 2010: 148 millió ha
 2013: 175 millió ha
 2014: 181,5 millió ha
 2015: 180 millió ha
 2016: 185 millió ha

GM növények termesztése világszerte 29 országban történt 174 millió hektáron (2013/2015)

Table 1: Global GM area by country

| | Country | Area (millions of hectares) | % of global GM hectares | Crops |
|----|---------------------|-----------------------------|-------------------------|--|
| 1 | USA | 73.10 | 40.3% | Corn, soybean, cotton, canola, sugar beet, alfalfa, papaya, squash |
| 2 | Brazil | 42.20 | 23.3% | Soybean, corn, cotton |
| 3 | Argentina | 24.30 | 13.4% | Soybean, corn, cotton |
| 4 | India | 11.60 | 6.4% | Cotton |
| 5 | Canada | 11.60 | 6.4% | Canola, corn, soybean, sugarbeet |
| 6 | China | 3.90 | 2.1% | Cotton, papaya |
| 7 | Paraguay | 3.90 | 2.1% | Soybean, corn, cotton |
| 8 | South Africa | 2.70 | 1.5% | Corn, soybean, cotton |
| 9 | Pakistan | 2.85 | 1.6% | Cotton |
| 10 | Uruguay | 1.64 | 0.9% | Soybean, corn |
| 11 | Bolivia | 1.00 | 0.6% | Soybean |
| 12 | Philippines | 0.83 | 0.5% | Corn |
| 13 | Australia | 0.54 | 0.3% | Cotton, canola |
| 14 | Burkina Faso | 0.45 | 0.3% | Cotton |
| 15 | Myanmar | 0.32 | 0.2% | Cotton |
| 16 | Mexico | 0.17 | 0.1% | Cotton, soybean |
| 17 | Spain | 0.13 | 0.1% | Corn |
| 18 | Columbia | 0.10 | 0.1% | Cotton, corn |
| 19 | Sudan | 0.09 | 0.05% | Cotton |
| 20 | Honduras | 0.03 | 0.02% | Corn, soybean, canola |
| 21 | Chile | 0.01 | 0.01% | Corn |
| 22 | Portugal | 0.009 | 0.005% | Corn |
| 23 | Cuba | 0.003 | 0.002% | Corn |
| 24 | Czech Republic | 0.002 | 0.001% | Corn |
| 25 | Romania | <0.001 | <0.001% | Cotton, soybean |
| 26 | Slovakia | <0.001 | <0.001% | Corn |
| 27 | Costa Rica | <0.001 | <0.001% | Corn |
| 28 | Bangladesh | <0.001 | <0.001% | Eggplant |
| | 28 COUNTRIES | 181.48m hectares | 100% | 9 crops |

77% 90% 98%
OF GLOBAL GM HECTARES

USA 73.1 M ha
 Brazília 42.2 M ha
 Argentina 24.3 M ha
 India - 11.6 M ha
 Canada 11.6 M ha
 China 3.9 M ha

Data from James, 2015. ISAAA Brief Number 49.

GM növények termesztése 2013

| Country | Area (millions of hectare) | GMO crop |
|------------------------|----------------------------|--|
| USA | 70,1 | S,M,C,R, SB,squash, papaya |
| Brazil | 40,3 | S,M,C |
| Argentina | 24,4 | S,M,C |
| India | 11,0 | C |
| Canada | 10,8 | R,M,S, SB |
| China | 4,2 | C, poplar, papayas, tomato, sweet pepper |
| Paraguay | 3,6 | S |
| South Africa | 2,9 | M,S,C |
| Uruguay | 1,5 | S,M |
| Bolivia | 1,0 | S |
| Philippines | 0,8 | M |
| Australia | 0,6 | C,R |
| Burkina Faso | 0,5 | C |
| Mexico | 0,2 | C,S |
| Chile | <0.1 | M,S,R |
| Colombia | <0.1 | C,carnation |
| Honduras | <0.1 | M |
| Costa Rica | <0.1 | C,S |
| EU (six member states) | 0,1 | M |

Field areas for GM plants according to country in 2013; field are in millions of hectares

S = Soybeans, M= Maize, R = Rapeseed, C = Cotton, SB=sugarbeet

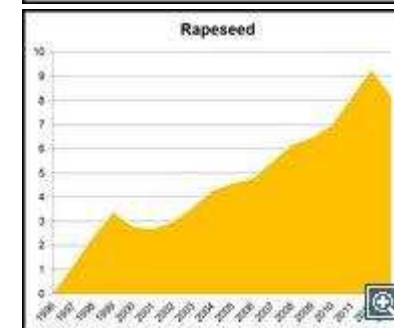
Source: ISAAA Brief No 46-2013



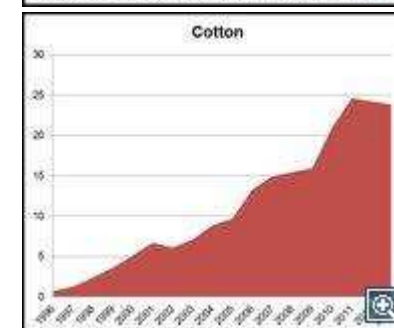
84,5 millió ha
79%-a GM



57,4 millió ha
32%-a GM



8,2 millió ha
24%-a GM



23,9 millió ha
70%-a GM

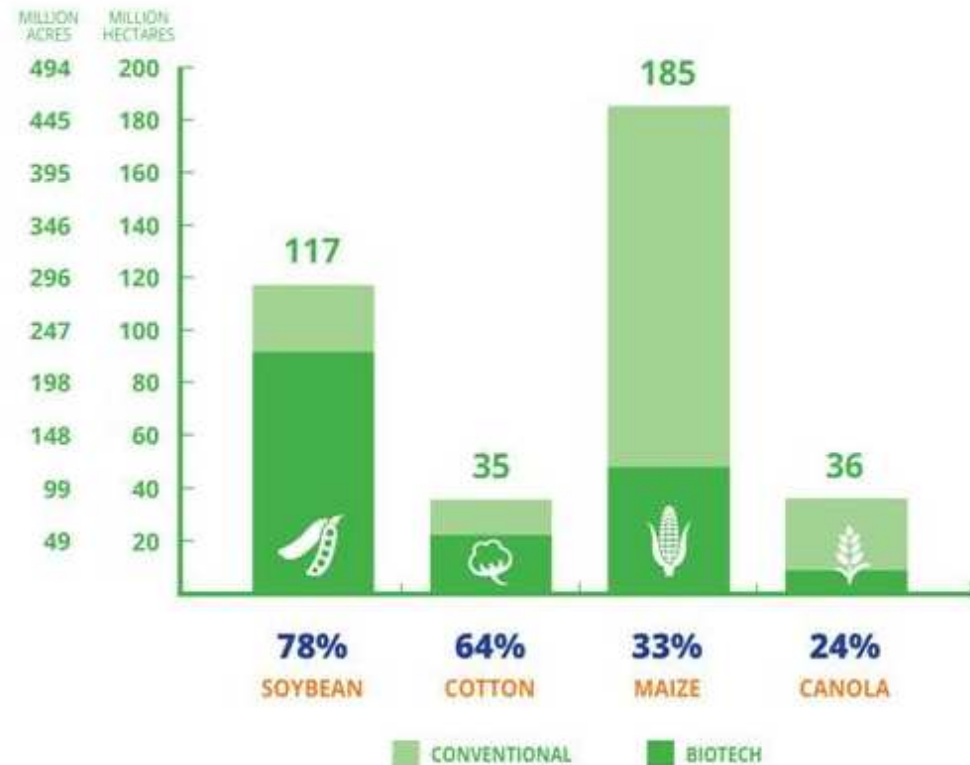
GM növények termesztése világszerte 26 országban történt ~ 180 millió hektáron (2015/2016)

| Rank | Country | 2015 | 2016 |
|------|----------------|-------|-------|
| 1 | USA* | 70.9 | 72.9 |
| 2 | Brazil* | 44.2 | 49.1 |
| 3 | Argentina* | 24.5 | 23.8 |
| 4 | Canada* | 11.0 | 11.6 |
| 5 | India* | 11.6 | 10.8 |
| 6 | Paraguay* | 3.6 | 3.6 |
| 7 | Pakistan* | 2.9 | 2.9 |
| 8 | China* | 3.7 | 2.8 |
| 9 | South Africa* | 2.3 | 2.7 |
| 10 | Uruguay* | 1.4 | 1.3 |
| 11 | Bolivia* | 1.1 | 1.2 |
| 12 | Australia* | 0.7 | 0.9 |
| 13 | Philippines* | 0.7 | 0.8 |
| 14 | Myanmar* | 0.3 | 0.3 |
| 15 | Spain* | 0.1 | 0.1 |
| 16 | Sudan* | 0.1 | 0.1 |
| 17 | Mexico* | 0.1 | 0.1 |
| 18 | Colombia* | 0.1 | 0.1 |
| 19 | Vietnam | <0.1 | <0.1 |
| 20 | Honduras | <0.1 | <0.1 |
| 21 | Chile | <0.1 | <0.1 |
| 22 | Portugal | <0.1 | <0.1 |
| 23 | Bangladesh | <0.1 | <0.1 |
| 24 | Costa Rica | <0.1 | <0.1 |
| 25 | Slovakia | <0.1 | <0.1 |
| 26 | Czech Republic | <0.1 | <0.1 |
| | Total | 181.5 | 179.7 |

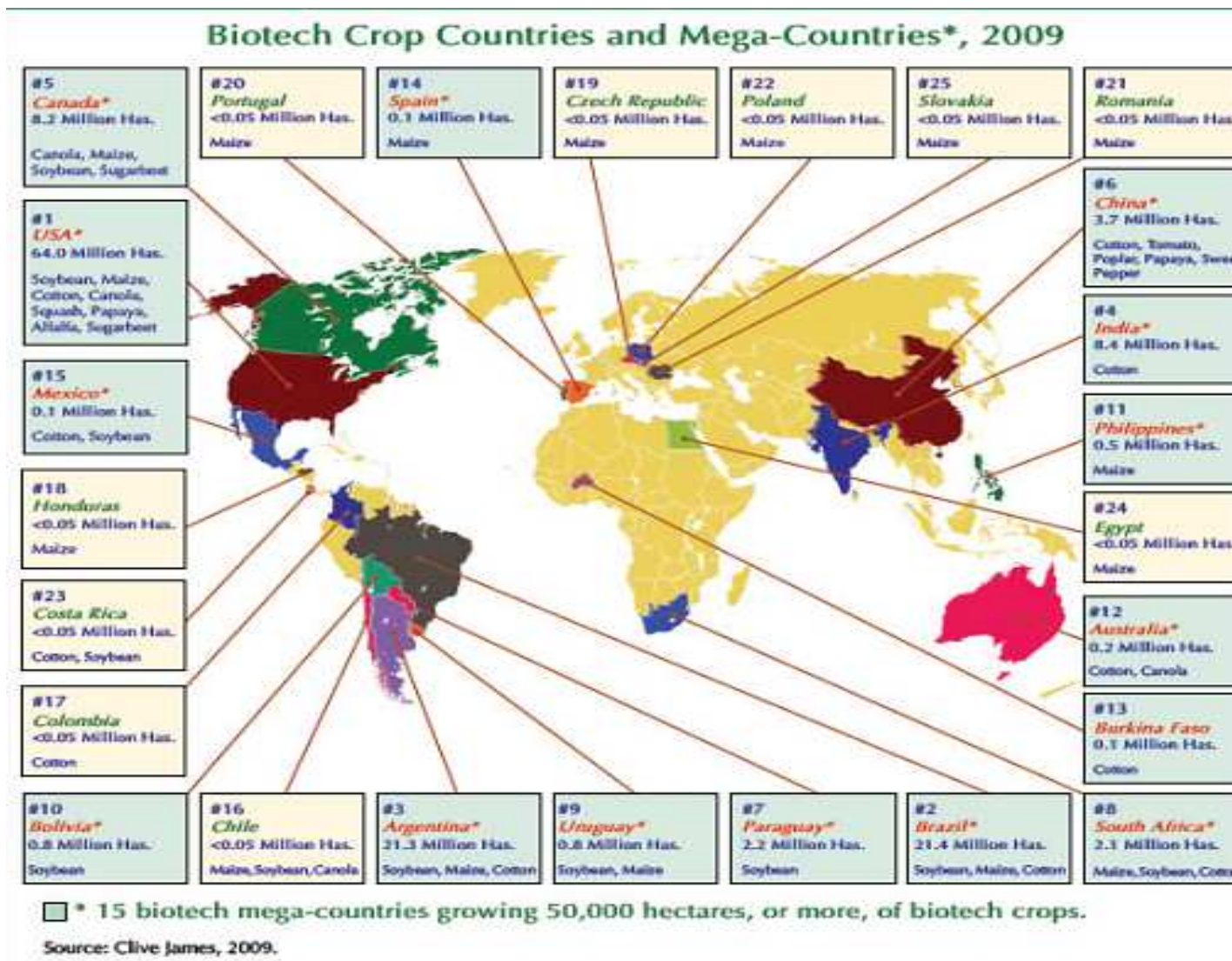
*Biotech mega-countries which grew more than 50,000 hectares, or more.
 **Rounded-off to the nearest hundred thousand.

Source: ISAAA, 2016.

USA 72.9 M ha
 Brazília 49.1 M ha
 Argentina 23.8 M ha
 Canada 11.6 M ha
 India - 10.8 M ha



Európában GM növények termesztése 2009-ben 6 országban, 2010-ben 8 országban történt



2009 - 94750 hektáron

kukoricamoly rezisztens
Mon810 GM kukorica
2013 - Spanyolo., Port.

2010 - Amflora burgonya (csak amilopektin)
Svédország,
Németország
Cseh köztársaság
2011 óta nem termesztik



Magyarországon köztermesztésben nincs GM növény

Egyéb növények - 2013

Cukorrépa: USA-ban 2007 óta, 2013 - 460000 ha, a termelt mennyiség 95%-a herbicid rezisztens;
Kanada 15000 ha; 96%
Cukkini: 2000 ha
Papaya: Hawaii - 2000 ha (60% GM), Kína - 6275 ha
Nyárfa: Kína 450 ha
Kisebb mennyiségben GM paradicsom, paprika, petúnia

EU 2013

- Mon 810 és az Amflora rendelkezik termesztési engedéllyel, Pioneer 1507- toxintermelő és glufozinátrezisztens, 2013
- MON810 - Spanyolország és Portugália; 30% ill. 10%-a a kukorica mennyiségnek GM (137000 ha, 9300 ha)
- 2013 - Az Európai Bizottság döntése nyomán egy harmadik GMO növény is közel került a szabadföldi termesztéshez: a Pioneer 1507 kukorica egyszerre toxintermelő és glufozinátrezisztens
- élelmezési és takarmányozási célra 49 féle GMO növényt lehet felhasználni az Európai Unióban
- ezek több mint fele, 27 valamilyen génmódosított kukorica, a többi olajosmagvak, szója- és gyapotféle

Magyarország 2013

- vetési moratórium mindkét uniós szinten engedélyezett GM növényre (Amflora GM burgonya, MON810 GM kukorica)
- Magyarországon kísérleti céllal engedélyezett GMO kibocsátások adatbázisa - <http://biosafety.abc.hu>

GMO szabályozás

USA: 1986 - minden laboratórium kívüli felhasználás hatósági engedélyhez kötött; 1997 óta csak bejelentési kötelezettség

EU: 2004-ben oldotta fel a tilalmat, de több ország korlátozást vezetett be

A fogyasztónak joga van választani, ezért az EU törvényhozás szabályozta a GMO-k kereskedelmi forgalomba kerülését és jelölését az Európai Parlament és a Tanács 1829/2003 1830/2003 rendelete alapján:

jelölési kötelezettség van minden olyan alapanyagra és termékre
amelyben az EU-ban engedélyezett GM növényekre nézve a GMO
tartalom **0,9% felett van**

GMO helyzete Magyarországon

Magyarország: Géntechnológiai tevékenységről szóló törvény (XXVII/1998) 1999.01.01-től - minden GMO-val kapcsolatos tevékenység engedély köteles

Engedélykérelem: Géntechnológiai Eljárásokat Véleményező Bizottság

Magyarország alaptörvénye szerint Magyarország a testi és lelki egészséghez való jog érvényesülését - többek között - genetikailag módosított élőlényektől mentes mezőgazdasággal is elősegíti.

Magyarország takarmány fehérjeigénye:

- 580 e t/év

- ennek kb. 50%-át szójából fedezzük, aminek 90%-a import

- a világ 350 M t/év szójatermelésének 96%-a GMO

- Mo. szója termelése 60-70 e Ha (GMO-mentes), ennek 85%-a export (kb 100 USD

felár/t)

- a magyar szójaigényt kb. 230 e Ha-ról lehetne kielégíteni („tudásintenzív” növény)

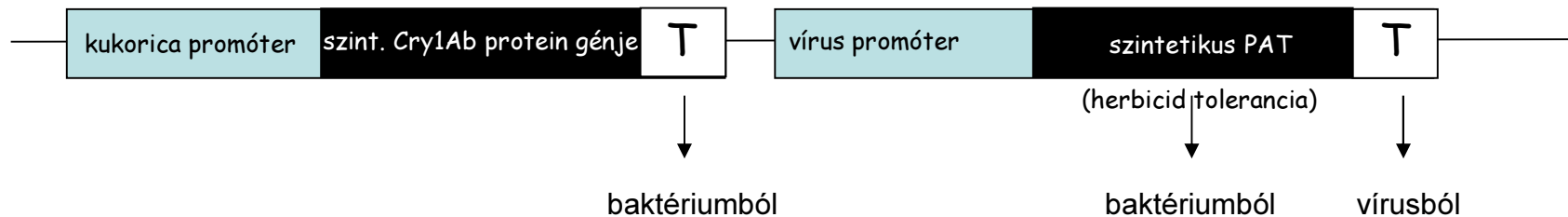
- fehérjeprogramok

GMO példák I.

- Példák:

1. MON810 jelű, rovarrezisztens génmódosított kukorica; *Bacillus thuringiensis* (Bt) talajbaktérium toxintermelő génjét építették be (kukoricamoly ellen; Mo-on ritka kártevő); USA - 1996 óta, világon 21, EU-ban 6 országban termesztik; a kivont toxint inszekticidként alkalmazzák (!!)

MON810 génkonstrukció (Heszky, Agrofórum 2008):



phosphinothricin acetyltransferase (PAT)

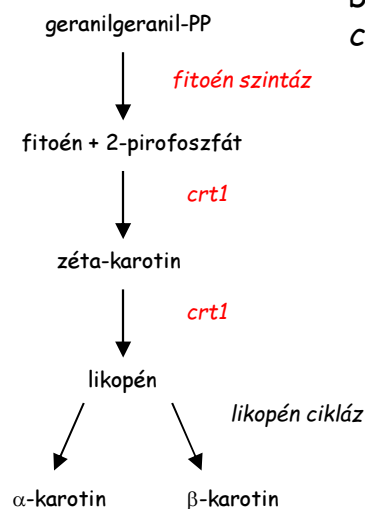
GMO példák II.



Példák:

2. **Golden Rice:** arany rizs - Ingo Potrykus (Swiss Federal Institute of Technology) és Peter Beyer (Univ. of Freiburg); Ye et al. 2000. Engineering the provitamin A (beta-carotene) biosynthetic pathway into (carotenoid-free) rice endosperm. Science 287 (5451): 303-305.

- A vitamin hiány vakságot és egyéb fejlődési rendellenességet okoz (egyoldalú táplálkozás), ~ 250-500 E eset /év
- β -karotint (A vitamin prekuzort) termelő rizs előállítására endospermiumban két bioszintézisben résztvevő gén transzformációjával: *psy* (phytoene synthase) nárciszból és *crt1* *Erwinia uredovara* baktériumból



- létrehozásakor nagy reményeket fűztek hozzá (nem profitszerzés a cél; a szabadalom tulajdonosok lemondtak minden jogokról)
- Fülöp-szigeteken és Tajvanon szabadföldi termesztés során 4-5x több mint β -karotint termelt, mint üvegházban
- köztermesztése nagy ellenállásba ütközött (környezetvédelmi és antiglobalista aktivisták; változatosabb étrend?)

Golden Rice 2 (2005) - 23x több β -karotint termel mint az előző verzió (kukorica fitoén szintáz génnel)

Bill és Melinda Gates (2005) - támogatás a rizs további minőségi javítására (fehérje tartalom, E vitamin, vas, cink)

3. magasabb Ca tartalmú sárgarépa előállítás (2008) - 15 kg/napi fogyasztás lenne szükséges

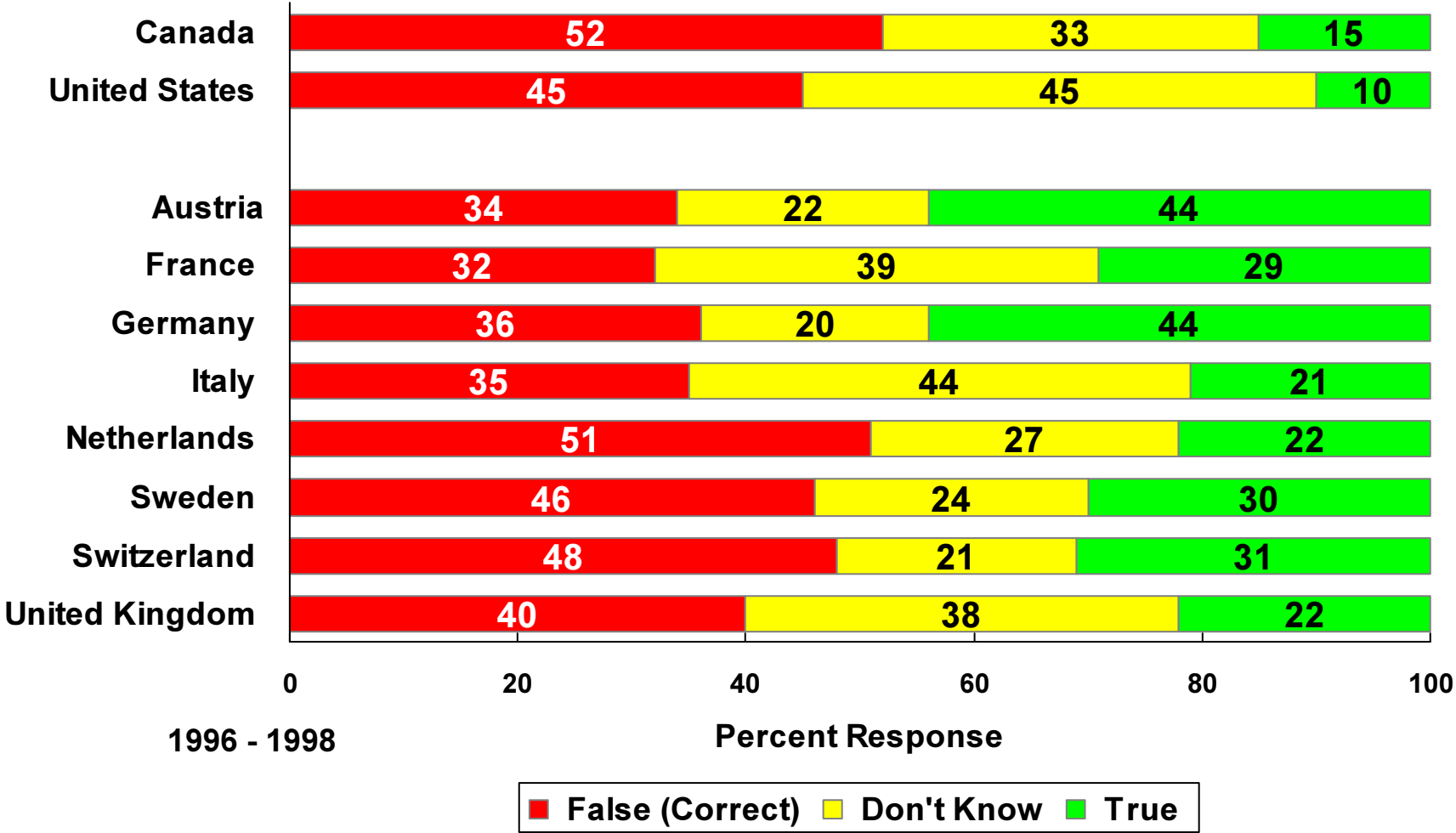
GMO példák III.

- További példák:
 4. szója - herbicidrezisztens fajták, allergén fehérjék csökkentése
 5. kukorica - Lys termelő, nagy vas, C-vitamin, folsavtartalmú fajták fejlesztése folyik
 6. gyapot - herbicid- és rovarrezisztens fajták
 7. repce - herbicidrezisztens fajták, nagy mennyiségű laurinsav termelés
 8. papaya - gyűrűfoltosodást okozó vírus (PRSV) rezisztens változat
 9. cukornád - rovarrezisztens és magasabb cukortartalmú (2. gen.) fajták
 10. cukorrépa - herbicidtoleráns fajták.
 11. lucerna - herbicidtoleráns fajták (glifozát)
 12. burgonya - ('Amflora' változat - BASF Plant Science) - majdnem tiszta amilopektint termel (amilóz tartalom minimális); csak az előállító biotechnológiai céggel szerződött partnerek számára elérhető, nincs közpiacon, az EU-ban ipari felhasználásra termesztik 2010-től
 13. paradicsom - a puhulás nélkül érő Flavr Savr az első kereskedelmi célra termesztett génmódosított élelmiszer volt, forgalmazása nem termelt nyereséget, kivonták a piacról (1997). Azóta több zöldség és gyümölcsféle késleltetett érésű/puhulás nélkül érő változatát is előállították, jelentőségüket a meghosszabbodott eltarthatósági idő adja.

GMO - mezőgazdasági és társadalmi vonatkozások

- probléma: 2010 - 6,8 milliárd a világ népessége
2050 - 9,1 milliárd
- cél: elegendő mennyiségű élelmiszer előállítás, terméshozamok növelése
termőterület növelése
hatékonyság növelése (öntözés kiterjesztése, műtrágyázás, vegyszeres védekezés, betakarítási veszteség és a fejlett világban az élelmiszerfogyasztás csökkentése - a nyugati világban a gabona 60%-át állatok etetésére használják, stb.)
 - ezek korlátozott lehetőségek (?)
 - nem a nyugati világban kellene növelni a hatékonyságot
- GMO a megoldás? Forradalmasítja a mezőgazdasági termelést?
- Előnyök: ezekről már esett szó - jelenleg > 100 millió ha-on termesztenek GM növényeket
- Hátrányok: etikai - egészségügyi vonatkozások
génszökés/génáramlás problémája (2010. aug.) - hímsteril fajták
 - Brassica napus (Bt toxin) - Brassica rapa - vad rokon faj:géntranszfer?
antibiotikum-rezisztencia kialakulása/terjedése
környezeti károk, ökológiai veszély (toxintermelő fajták)
élelmiszerbiztonság, keveredés, allergének, (0,9% alatt nem kell jelölni)
helyi termelők és multinacionális cégek érdeke ütközhet (mag- és vegyszerköltség)
szabadalmi költségek - magyar fajta?
- Eredendő rossz? - nukleáris energia? Nem a technológia a probléma!
- Tudáshiány! kutatók feladata- lehetséges veszélyek -> biztonsági rendszerek kifejlesztése
a társadalom tájékozottsága és ismerete alacsonyszintű

"Ordinary tomatoes do not contain genes, while genetically modified ones do"



KÖSZÖNÖM A FIGYELMET!