

Botanické inspirace Jana Sudy

Renesanční člověk je podle definice někdo, kdo je charakterizován všestranností zájmů a nezřídka také jedinečnou genialitou. Právě tak by se bez přehánění, alespoň co se botaniky týče, mohl označit Honza Suda, který vědomostmi a zápalem pro obor nadchl (mnohdy až uhranul) celou generaci svých vrstevníků a studentů, ale i čtenářů Živy, v jejíž redakční radě více než 10 let působil, od r. 2009 i jako její

předseda. Letos by oslavil padesátiny, je to však už 7 let, co naposledy mohl někoho svým neutuchajícím entusiasmem pro studium botaniky získat. Jeho nesmazatelnou stopu se snaží zachytit blok článků s výšečími tématy, kterým se sám věnoval a ke kterým přivedl ty z nás, kdo měli to štěstí se s ním setkávat v roli studentů, kolegů a přátel.

Pavel Trávníček,
Zuzana Chumová a redakce Živy



Bartholina burmanniana, Kapsko.
Foto P. Trávníček

Eliška Petříková, Filip Kolář

K čemu je rostlinám genomová duplikace?

Věnováno památce Jana Sudy

Genom eukaryotických organismů nás fascinuje již desítky let. První publikovaná sekvenční rostlinného genomu huseníčku rolního (*Arabidopsis thaliana*) brzy oslaví čtvrtstoletí. Od té doby se genomika stala nedílnou součástí studia biologie a díky tomu dnes můžeme popisovat, jak skrze genetické změny získávají druhy, populace, ale i jednotlivci většinu svých unikátních vlastností. Fascinující skutečností je, jak nestálá může být struktura genomu samotného. Ať už jde o bodové mutace, malá přeskupení v rámci jednoho chromozomu, nebo rozsáhlé změny ve velikosti celého genomu, srovnání genomů mezi i napříč druhy ukazuje, že variabilita je běžná. V tomto článku se zaměříme na důsledky, které může mít na vzhled a evoluci rostlin nejrozsáhlejší mutace – zdvojení nebo i vícenásobné zmnožení kompletního genomu (celé sady chromozomů), tedy polyploidizace.

Polyploidie všude kolem nás

Rozsáhlá chromozomální přeskupení, jako jsou translokace (přemístění koncového úseku) nebo inverze (otočení určitého úseku opačným směrem), mají na rostliny značný vliv. Tyto modifikace chromozomů bývají spojovány se změnami vnějšího vzhledu (fenotypu), ale i s ekologickými preferencemi daných druhů, mohou dokonce vést ke vzniku nových druhů lišících se životními strategiemi nebo způsobem rozmnožování. Polyploidizace, jinak též celogenomová duplikace, je také považována za chromozomální změnu velkého měřítká a představuje jednu z nejzávažnějších mutací, které v přírodě můžeme pozorovat. Vždyť nejde o záměnu jednotlivých nukleotidů DNA ani o přesun částí chromozomů, ale v jedné generaci se zdvojí nebo vícenásobně naroste počet celých chromozomových sad v jádře! Navzdory tomu je však polyploidizace mezi organismy široce rozšířená (např. u hmyzu, ryb

a některých protist). Obzvláště často se s ní setkáme u krytosemenných rostlin, jež provází už od počátku jejich evoluce.

Genetická informace somatických buněk většiny eukaryotických organismů bývá zpravidla uspořádána do dvou sad chromozomů a takový organismus nazýváme diploidním. Polyploidie je pak stav, kdy se v jádře somatické buňky organismu vyskytují tři a více kompletních chromozomových sad. Polyploidizace, mutace vedoucí ke stavu polyploidie, je jedním z nejdůležitějších motorů evoluce vyšších rostlin. Přestože máme v dnešní době zřetelnou představu o tom, že všechny krytosemenné rostliny prošly v průběhu své evoluční historie alespoň jedním, většinou však více koly celogenomové duplikace, stále jen odhadujeme, jak velká část rostlin je v současnosti polyploidní. Běžně rozlišujeme dva základní typy polyploidů, auto- a alopolyploidy. Podle nových odhadů se dnes v přírodě vyskytuje asi 11 % alopoly-

ploidů, kteří vznikají hybridizací dvou geneticky odlišných druhů a následnou duplikací genomu, a 13 % autopolyploidů vznikajících znásobením geneticky shodných chromozomů v rámci jednoho druhu. Procentuální zastoupení polyploidů v přírodě může nicméně být ještě vyšší, protože ne všechny polyploidní rostliny, obzvláště ty autopolyploidní, se vždy dají snadno vizuálně odlišit od diploidních rodičů. S odhadovaným počtem 350 tisíc rostlinných druhů na světě celkem by tak mohlo čekat na své objevení 50–60 tisíc dalších, dosud neznámých polyploidních taxonů.

Brzy tomu bude 120 let, kdy byla polyploidie objevena, avšak stále mnoho o polyploidních organismech nevíme. Co ale víme s jistotou, je, že polyploidní rostliny rostou všude kolem a provázejí nás v každodenním životě, i když si to často neuvědomujeme. Velké množství ekonomicky významných plodin je současně polyploidních a v jádrech jejich buněk se nacházejí tři (banány, melouny), čtyři (bavlna, brambory, řepka), šest (pšenice, tritikale, oves) nebo i více chromozomových sad (jahody, cukrová třtina). Další zemědělské plodiny, např. rýže, kukuřice, rajče nebo sója, mají dnes jen dvě sady chromozomů, jsou diploidní (2x). Přesto jsme schopni pomocí moderních sekvenačních metod detekovat v jejich genomech stopy historických polyploidizačních událostí a nalézt geny, které v průběhu evoluce zůstaly v duplikovaném stavu a nyní plní různé funkce.

Celogenomová duplikace je u rostlin tak rozšířeným fenoménem, že není pochyb o tom, že rostlinám nějakým způsobem pomáhá. Většina dosud studovaných systémů je však alopolyploidního původu – efekt genomové duplikace se u nich kombinuje s efektem křížení (hybridizace). Skrze rozvoj metod průtokové cytometrie jsme ale nyní schopni pomocí kvantitativní analýzy zjistit přítomnost „čistých“ produktů genomové duplikace, autopolyploidů, v přírodních populacích. I díky tomu se v posledních letech autopolyploidům dostalo zvýšené pozornosti. Abychom totiž mohli mluvit čistě o důsledcích polyploidizace bez efektu mezidruhovité hybridizace, budeme se nadále i v tomto článku zabývat jen autopolyploidními organismy. Polyploidizace se stala nedílnou součástí