

KROMOSZÓMA-ALAPÚ GENOMIKAI KUTATÁSOK A *Triticeae* ÉS *Aegilops* CSALÁDOKBAN

Molnár István¹, Mihaela M. Martis², Hana Simková H.³, Marie Kubaláková³, Jan Vrána³, Farkas András¹, Megyeri Mária¹, Federica Cattonaro³, Lángné Molnár Márta¹, Klaus Mayer², Jaroslav Dolezel⁴

¹*Agrártudományi Kutatóközpont, Mezőgazdasági Intézet, Martonvásár*

²*German Research Center for Environmental Health, Helmholtz Zentrum Munich, Institute of Bioinformatics & Systems Biology, Neuherberg, Germany*

³*IGA Institute of Applied Genomics, Udine, Italy*

⁴*Centre of the Region Haná for Biotechnological and Agricultural Research, Institute of Experimental Botany, Olomouc, Czech Republic*

A növényi genom áramlásos (flow-) citometria segítségével frakciókra bontható és az átlagostól eltérő méretű kromoszómák izolálhatók. Az elmúlt években létrehozott kromoszóma specifikus subgenomi DNS minták nagymértékben egyszerűsítették a nagy és poliploid genomokkal rendelkező gabonafélék (hexa- és tetraploid búza, árpa, rozs, zab, kukorica) genomanalízisét. A kromoszóma alapú genomika lehetővé tette az izolált subgenomi régiókra specifikus markerek fejlesztését, BAC-kölibyvtárak és fizikai térképek előállítását, valamint az adott régiók (shot-gun) szekvenálását. A búzával rokon vad *Triticeae* és *Aegilops* fajok jelentős génforrásként szolgálnak a búzanemesítés számára, melyek kiaknázását jelentősen felgyorsítaná a kromoszóma alapú genomika eszköztárának alkalmazása.

Kísérleteinkben áramlásos citometria és *in situ* hibridizáció (FISH) segítségével meghatároztuk az *Ae. umbellulata* (UU), *Ae. comosa* (MM), *Ae. biuncialis* (U^bU^bM^bM^b) és *Ae. geniculata* (U^sU^sM^sM^s), illetve a kenyérbúza diploid ősei, a *T. monococcum* (A^mA^m), *Ae. speltoides* (SS) és *Ae. tauschii* (DD) flow-kariotípusát, és azonosítottuk az izolálható subgenomi frakciók kromoszóma összetételét. Megállapítottuk, hogy az *Ae. umbellulata* IU, 6U, 3U, az *Ae. biuncialis* 1U^b, a *T. urartu* 5A és az *Ae. tauschii* 5D kromoszómái izolálhatók a genomból.

A továbbiakban az IU, 1U^b, 6U és 3U kromoszómák DNS-ét felszaporítottuk és megszekvenáltuk (Illumina HiSeq 2000). A szekvencia read-eket a megfelelő algoritmusok segítségével nagyobb (370-560bp) kontigokká illesztettük. Megállapítottuk, hogy az egyes kromoszómákban az ismétlődő szekvenciák aránya 62,4% (=1U^b) és 40,2% (=6U) közt változott. Az ismétlődő szekvenciák szűrése és eltávolítása után a maradék kromoszóma specifikus szekvenciák átlagos mérete 1200-1340bp közt változott. A fenti szekvenciákat összehasonlítottunk az árpa virtuális géntérképével, valamint a *Brachypodium*, a rizs és a köles szekvenált genomi adatbázisaival. Az egyes *Aegilops* kromoszómák virtuális génsorrendjének összeállítása után nagymértékű kollinearitás volt megfigyelhető az 1U/1U^b kromoszómák, valamint az árpa 1H és (a hosszú kar disztális régióját tekintve) 2H kromoszómájával, a 3U és a 3H, valamint a 6U és az 1H, 2H, 4H, 6H és 7H kromoszómák egyes régiói között. A syntenyre vonatkozó további megállapításokat vontunk le a *Brachypodium*-mal, rizzsel és a kölessel való összehasonlítás után is. A fenti eredmények lehetővé teszik *Aegilops* kromoszóma specifikus markerek előállítását a későbbiekben.

A kutatásokat az OTKA (PD83444), a Bolyai János kutatási ösztöndíj, valamint a Czech Ministry of Education, Youth and Sports (LC06004, OC08025) és a European Regional Development Fund (Operational Programme Research and Development for Innovations No. CZ.1.05/2.1.00/01.0007) támogatta.