

# Co je nového v biologii

## Rekordman ve velikosti genomu

**Genom představuje veškerou genetickou informaci organismu uloženou v DNA. Většina DNA se v buňkách eukaryotních organismů nachází v jádře, část pak obsahují semiautonomní orgány (mitochondrie, u rostlin také plastidy). V současné době exponenciálně narůstá počet druhů, u nichž známe (téměř) kompletní sekvenci jaderného genomu (např. *Živa* 2012, 4: 155–157 a 2014, 3: 122–123). Prakticky bez výjimky však jde o genomy relativně malé, u nichž je technicky proveditelné správné poskládání krátkých sekvenovaných úseků. Informace o velikosti jaderného genomu (počtu bází) se stává nepostradatelnou v mnoha vědních oborech. V r. 2010 byl objeven nový rekordman s gigantickým genomem, který po téměř čtyřech desetiletích sesadil z čela dvojdyšného bahňáka východoafrického (*Protopterus aethiopicus*, viz *Živa* 2013, 6: 257–260). Prvenství dnes patří rostlině – vranímu oku japonskému (*Paris japonica*).**

Snahy stanovit množství DNA v buňkách studovaných organismů se objevovaly již v první polovině 20. stol., tedy dávno před potvrzením, že DNA je nositelkou genetické informace (v r. 1952) a odhalení její struktury (1953). Průkopnické práce mimo jiné prokázaly, že množství jaderné DNA v různých somatických tkáních téhož jedince je konstantní a velikost genomu gamet (spermii) bývá poloviční. Dalším důležitým zjištěním bylo odhalení značných mezidruhových rozdílů ve velikosti genomu, přičemž množství DNA nesouviselo s komplexitou organismu ani s jeho pozicí v taxonomickém systému. Pro tuto skutečnost se vžil označení záhada C-hodnoty (C-hodnota – velikost nereplikovaného haploidního genomu, udává se v počtech párů bází, nebo jako hmotnost DNA v pikogramech; 1 pg je  $10^{-12}$  g). Původně se soudilo, že velikost genomu těsně koreluje s počtem genů a že vývojově pokročilejší organismy tedy budou mít i vyšší obsah jaderné DNA. Zdánlivý paradox se později podařilo vysvětlit charakterem DNA, kdy jen malá část vlákna dvoušroubovice (u člověka necelá 2 %) kóduje proteiny, zatímco většinu tvoří tzv. nekódující úseky (repetitivní sekvence, introny, pseudogeny, regulační sekvence nebo geny pro nekódující RNA).

Pro srovnání bude nejjednodušší odrazit se od velikosti lidského genomu tvořeného podle současných poznatků zhruba 3,2 miliardy párů bází, což odpovídá ca 3,25 pg DNA. Celková délka vlákna DNA v pohlavních buňkách člověka činí více než 1 m a v somatických slabě přes 2 m.

Aktuálně nejmenší známý eukaryotní genom patří mikrosporidii *Encephalitozoon intestinalis* z oddělení spájivých hub (*Zygomycota*). Obsahuje jen asi 2,25 milionu párů bází (0,0023 pg DNA). Jde o vnitrobuněčného parazita s velice redukovanou stavbou (např. postrádá mitochondrie), žijícího v cytoplazmě živočichů, včetně člověka.

Na opačném konci spektra dosud stál bahňák východoafrický, u něhož byla r. 1971 naměřena velikost genomu 132,83 pg (asi čtyřicetinasobek genomu lidského; viz Pedersen 1971). Největší rostlinné genomy tuto hodnotu dlouho neúspěšně atakovaly. Optimisté sice předpokládali, že vzhledem k častému zdvojení genomu (polyploidizaci) mají rostliny dobré vyhlídky stát se v této oblasti rekordmany, avšak s rostoucím počtem analyzovaných druhů se nadšení vytrácelo. Dlouho se jako nositel největšího rostlinného genomu udával východomediterránní řebčík asyrský (*Fritillaria assyriaca*, liliovitě – *Liliaceae*) s 127,4 pg DNA. Dnes je zřejmé, že publikovaný údaj byl nadhodnocený a navíc se nejspíše vztahoval k blízkce příbuznému druhu *F. uva-vulpis*.

Zlom přinesl až rok 2010. Nejprve byl u polyploidního spontánního křížence trojčetek *Trillium × hagai* z čeledi kýchavcovitých (*Melanthiaceae*) stanoven obsah jaderné DNA na 132,45 pg, tedy jen o pověstný fous menší než u bahňáka (za předpokladu, že by obě měření byla naprosto přesná). Vzhledem k tomu, že na čelných pozicích žebříčku rostlin s obřími genomy se objevovali pouze zástupci tří čeledí (ke dvěma zmíněným jednoděložným přístupovaly ještě dvouděložné santálovité – *Santalaceae*, konkrétně rod jmelí – *Viscum*), upřeli vědci pozornost právě na tyto skupiny. A systematické úsilí bylo korunováno úspěchem. Na podzim 2010 byl ohlášen nález rostliny, jejíž genom téměř o 15 % převyšuje genom bahňáka a dosahuje úctyhodných 152,23 pg neboli 149 miliard párů bází (Pellicer a kol. 2010). Oproti genomu člověka je obsah DNA téměř 50násobný a délka vlákna DNA v každé buňce přes 100 m. Tímto rekordmanem je vraní oko japonské (někdy vyčleňované do samostatného monotypického rodu *Kinugasa*) ze stejné čeledi jako trojčetyky.



1 Bylina z ostrova Honšú vraní oko japonské (*Paris japonica*) má dosud největší zjištěný genom mezi všemi organismy. Převzato z Wikipedia Commons v souladu s podmínkami použití

Rod vraní oko čítá necelých 30 druhů v temperátních lesích Eurasie, s centrem diverzity v Číně. Zpravidla jde o endemity malých území, zatímco široce rozšířených druhů je poskrovnu (největší areál má naše domácí vraní oko čtyřlístě – *P. quadrifolia*). Japonský druh se vyskytuje v otevřených horských lesích v centrální a severní části ostrova Honšú, v chladnějších polohách a na polostinných stanovištích na hlubokých, humusem bohatých slabě kyselých půdách. Na půdní podmínky je poměrně náročný – substrát musí být celoročně vlhký, avšak zároveň dobře propustný a vzdušný. Takové nároky nejlépe splňují svažité terény, kde může tvořit rozsáhlé porosty. Celkově však patří mezi vzácné zástupce japonské flóry. Jde o poměrně statnou bylinu – dospěle kvetoucí rostliny mohou být až 1 m vysoké. Z oddenku vyrůstá silný stvol nesoucí nepravý přeslen nejčastěji 8 širokých, na vrcholu zašpičatělých listů. Velké bílé květy na několikacentimetrových stopkách se objevují od května do srpna. Po odkvětu se vytváří nachová bobule. Druh se občas pěstuje, jeho kultura však není jednoduchá kvůli specifickým ekologickým nárokům. Navíc poměrně špatně snáší přesazení a při změně podmínek tato dlouhověká a pomalu rostoucí bylina odmítá několik let vykvést, někdy ani nevytvorí nadzemní části. Oproti většině ostatních zástupců svého rodu, kteří jsou diploidní a v somatických buňkách nesou 10 chromozomů, je vraní oko japonské oktoploid (každý chromozom v 8 kopiích), pravděpodobně vzniklý hybridizací – následným zdvojením genomu až čtyř jiných rodičovských druhů.

Zjištěná velikost genomu patrně leží na samé hranici možností eukaryotických buněk. Výzkumy ukazují, že gigantické genomy s sebou přinášejí spíše komplikace, ať už velké energetické nároky při buněčném dělení, celkově pomalejší vývoj nebo užší ekologické niky.

A jaký organismus drží rekord v obsahu jaderné DNA v naší přírodě? Odpověď je celkem jednoznačná: jeden ze symbolů Vánoc – jmelí bílé (*V. album*). Jeho genom je více než 23× delší než ten lidský.