

PHÂN TÍCH BỘ GEN CỦA LOÀI NGŨ CỐC CHỊU NHIỆT VÀ KHÔ HẠN TRƯỚC NGUY CƠ BIẾN ĐỔI KHÍ HẬU.

Khí hậu toàn cầu đang thay đổi, và những biến đổi này đã ảnh hưởng đến nguồn cung cấp và độ an toàn của thực phẩm. Những người sống trong vùng khô hạn cần những loại thực vật có thể phát triển tốt trong điều kiện này.

Một ví dụ là cây l&u

Khí hậu toàn cầu đang thay đổi, và những biến đổi này đã ảnh hưởng đến nguồn cung cấp và độ an toàn của thực phẩm. Những người sống trong vùng khô hạn cần những loại thực vật có thể phát triển tốt trong điều kiện này.

Một ví dụ là cây lúa miến (hay còn được biết đến dưới những cái tên như milo, cây kê, chổi bắp), đây là một loài cây bụi, có thể mọc cao tới 5 mét và hoàn toàn có thể chống chịu với điều kiện khô cằn, nóng bức. Loại cây có nguồn gốc từ châu Phi này có thể phát triển mạnh trong những vùng đất có điều kiện khắc nghiệt mà những loài ngũ cốc khác không thể sống sót được vì thiếu nước. Ở những vùng nóng khô và ôn hòa tại châu Mỹ, châu Á và châu Âu, chúng được sử dụng như nguồn thực phẩm và thức ăn cho gia súc, chúng cũng được trồng nhiều nhằm sản xuất chất đốt sinh học. Loại cây này cũng cung cấp vải thô và được sử dụng như một loại chất đốt để sưởi ấm và nấu nướng.

Là một phần của một tổ chức các nhà khoa học quốc tế, những nhà khoa học tại Helmholtz Zentrum München đang phân tích các gen của cây lúa miến, đây là loài cây có nguồn gốc châu Phi đầu tiên được giải mã trình tự bộ gen.

Tiến sĩ Klaus Mayer (viện Sinh tin học và hệ thống sinh học tại Helmholtz Zentrum München) cho biết về mục đích của công trình nghiên cứu: "Chúng tôi muốn làm sáng tỏ chức năng và cấu trúc bộ gen của loài lúa miến." Ông giải thích thêm: "Đây là một yếu tố tiên quyết trong công cuộc cải tiến giống cây quan trọng này nhằm làm cho chúng đem lại năng suất cao hơn trong những điều kiện nuôi trồng chiến lược. Theo như trung tâm nghiên cứu sức khỏe môi trường Đức, việc duy trì nguồn cung cấp thực phẩm là một trong những hướng nghiên cứu quan trọng nhất của chúng tôi. Đó là lý do tại sao chúng tôi cố gắng tìm hiểu cơ sở phân tử về loại cây có sức chống chịu với điều kiện hạn hán này nhằm ứng dụng thành tựu đó vào những loại cây hoa màu khác tại khu vực của chúng tôi." Những kết quả đầu tiên của nghiên cứu này đã được công bố trên tạp chí Nature.

Điều quan trọng khiến cho cây lúa miến trở thành một mô hình trong nghiên cứu này là do nó có nguồn gốc gần với các loại hạt ngũ cốc nhiệt đới (ví dụ như hạt ngô vàng) hơn so với cây lúa nước. Thêm vào đó, khác với những cây hoa màu khác, bộ gen của cây lúa miến đã không bị biến đổi, phóng to lên sau nhiều triệu năm gần đây. Bộ gen nhỏ gọn của nó (bằng khoảng $\frac{1}{4}$ bộ gen người) sẽ đem lại một khởi đầu tốt để nghiên cứu những cây hoa màu phức tạp hơn như cây ngô hay mía, một điều đặc biệt nữa là cây lúa miến cũng có hệ quang hợp C4 như hai loại cây trên.

Dựa vào đặc điểm hình thái và sinh hóa, các loại cây này sử dụng một con đường quang hợp đặc biệt (trong đó theo như tên gọi, phân tử đường đầu tiên được tạo thành có 4 carbon). Chúng có thể đồng hóa carbon từ CO₂ ở nhiệt độ cao hơn và cho năng suất tốt hơn so với các loại cây C3, và đặc biệt chúng rất thích hợp để tạo ra những sản phẩm sinh khối cho năng lượng cao. Cây lúa miến là loài cây ngũ cốc C4 đầu tiên được giải mã hoàn toàn bộ gen. Phân tích về chức năng của các gen sẽ cho chúng ta thấy sự khác nhau ở cấp độ phân tử của thực vật C3 và C4.

Hơn nữa, việc so sánh với cây lúa (quang hợp C3), một loài cây cũng đã được giải mã trình tự bộ gen, sẽ cho chúng ta biết thông tin về việc những loài ngũ cốc này đã thay đổi như thế nào theo một hướng hoàn toàn khác trong quá trình tiến hóa. Những dữ liệu có được của những nhà khoa học Munich cũng cho phép phân tích sự khác biệt giữa cây lúa miến, lúa nước và ngô. Phân tích này sẽ cho ta biết thêm về sự tiến hóa trong kích thước bộ gen, sự phân bố và khuếch đại của gen hoặc quá trình tái tổ hợp của chúng.

Điều cuối cùng nhưng không kém phần quan trọng, các nhà khoa học đã sử dụng một phương pháp tiên tiến trong nghiên cứu của họ, đó là phương pháp giải mã bộ gen bằng kỹ thuật xác định trình tự nhỏ (shotgun sequencing), đây là một phương pháp nhanh và đắt tiền để giải mã trình tự các nhiễm sắc thể và bộ gen. Sử dụng phương pháp này, phân tử DNA được khuếch đại lên nhiều lần sau đó được cắt ra thành nhiều mảnh nhỏ bằng cách nén DNA trong 1 bơm áp lực (shotgun). Cuối cùng, các đoạn DNA nhỏ này được giải mã trình tự từ cả hai đầu, sau đó hàng triệu mảnh nhỏ này sẽ được tập hợp lại bằng một phần mềm vi tính phức tạp để tạo thành 1 nhiễm sắc thể được giải mã hoàn chỉnh.