

Olomoučtí vědci se podíleli na úplném přečtení genomu ječmene

04. květen 2017



Mezinárodnímu týmu vědců se po mnohaletém úsilí podařilo získat celou dědičnou informaci ječmene, významné obiloviny, která se využívá především jako krmivo pro hospodářská zvířata a také pro výrobu piva a whisky.

O úspěchu informovalo Mezinárodní konsorcium pro sekvenování genomu ječmene (IBSC) a vyšel o něm článek v prestižním časopise Nature. Podíl na něm mají i olomoučtí odborníci z Ústavu experimentální botaniky Akademie věd ČR, v. v. i. (ÚEB), kteří jsou partnery Centra regionu Haná pro biotechnologický a zemědělský výzkum.

Úplné přečtení dědičné informace ječmene je výsledkem deseti let intenzivní práce a je to zatím největší genom, který vědci přečetli v takové kvalitě. Úkol, který zvládli, byl nesmírně složitý. Dědičná informace ječmene se skládá z pěti miliard písmen, což znamená, že je o polovinu větší než genom člověka. Tato velikost je dána přítomností takzvaných repetitivních sekvencí DNA, které tvoří asi osmdesát procent genomu. Sekvence se opakují ve stejné podobě na mnoha místech, a proto je velmi obtížné určit jejich polohu a sestavit je do větších celků.

Klíčová byla mezinárodní spolupráce

Bez mezinárodní spolupráce týmů z Německa, Velké Británie, Číny, Austrálie, Dánska, Finska, Švédska, Švýcarska, USA a také České republiky by nebylo možné získat a zpracovat všechna data. Ke zdárnému výsledku významně přispělo využití nových technologií, včetně takzvané metody Hi-C. Centrum strukturní a funkční genomiky rostlin ÚEB, se podílelo na čtení genomu ječmene od samého začátku. Podle vedoucího laboratoře a koordinátora programu Potravinový pro budoucnost Strategie AV21 profesora Jaroslava Doležela bylo získání tak kvalitní sekvence ječmene podmíněno kombinací klasických starších technik a nejnovějších metod čtení genomu: „Byli jsme jedni z hlavních autorů první verze genomu ječmene publikované v roce 2011, která byla získána pomocí naší metody izolace chromozomů. Díky tomu se už v té době podařilo získat první pracovní verzi genomu ječmene, která značně urychlila další postup sekvenování. V posledních letech jsme se na projektu podíleli nejmodernější technikou tzv. optického mapování, která umožňuje řešit problém při sestavování oblastí obsahujících repetitivní sekvence DNA. Naším hlavním vkladem byla příprava vysoce kvalitní DNA, která je pro tuto metodu nezbytná.“

Výsledek pomůže jiným vědcům i šlechtitelům rostlin

Dosud největší genom přečtený v takové kvalitě, byl genom kukuřice, který je ale ve srovnání s ječmenem poloviční. Ječmen také patří do jiné skupiny obilovin, a proto tento výsledek usnadní vědcům práci při čtení genomů pšenice a žita. Především však pomůže při šlechtění nových odrůd ječmene odolných vůči klimatickým změnám, škůdcům a chorobám. Podle profesora Jaroslava Doležela, je to obrovský krok dopředu: *„Najednou máme pro tak významnou plodinu k dispozici knihu, která podrobně popisuje její dědičnou informaci. Můžeme v ní hledat místa odpovídající za agronomicky důležité znaky a tím podstatně urychlit získávání DNA markerů pro šlechtění a izolaci důležitých genů. Nyní máme nové možnosti odhalovat, jak vlastně DNA ovlivňuje vzhled rostliny, její reakce na vnější podmínky a podobně.“*

Dostupnost kvalitní sekvence ječmene bude mít v budoucnu velký význam při využívání nových metod editace genomu. Umožní najít určitou oblast dědičné informace, kterou bude třeba modifikovat a s velkou přesností změnit pořadí písmen v dědičné informaci.

Před vědci nyní stojí výzva přečíst genom dalších dvou významných obilovin, a to pšenice a žita. Tým profesora Jaroslava Doležela se podílí i na těchto dvou prestižních projektech. Publikování úplné sekvence genomu pšenice seté se předpokládá ještě v tomto roce.