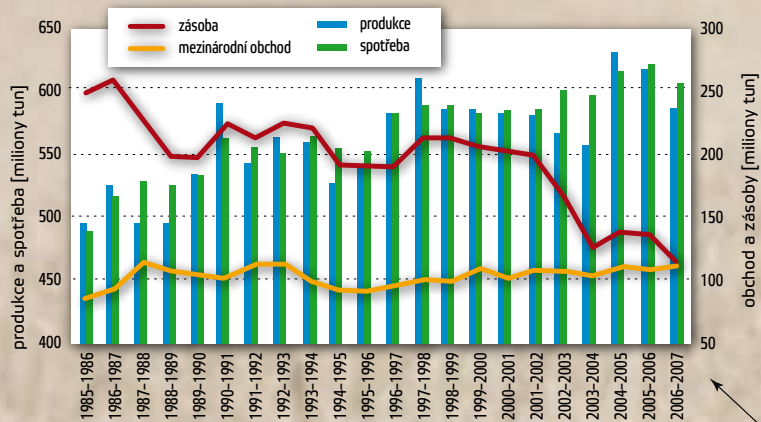
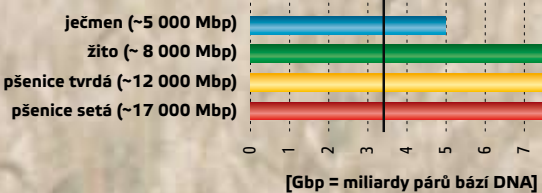


Analýza genomu pšenice

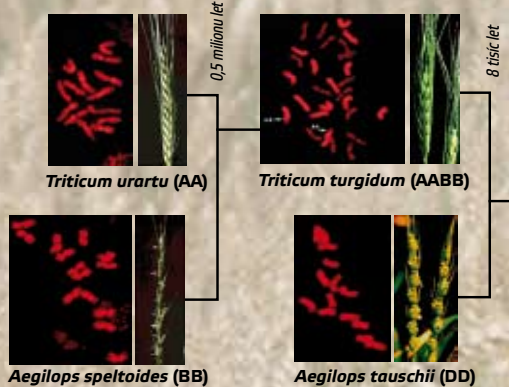


Velikost genomu některých obilnin v porovnání s velikostí lidského genomu.



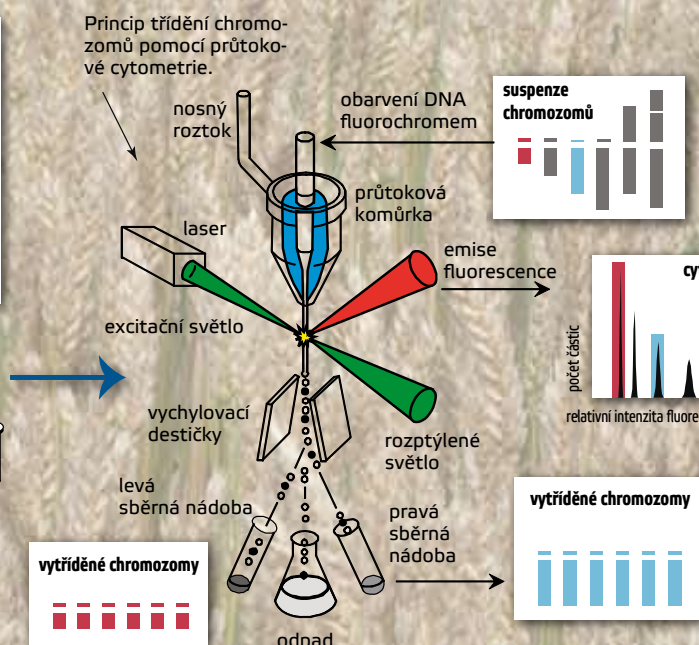
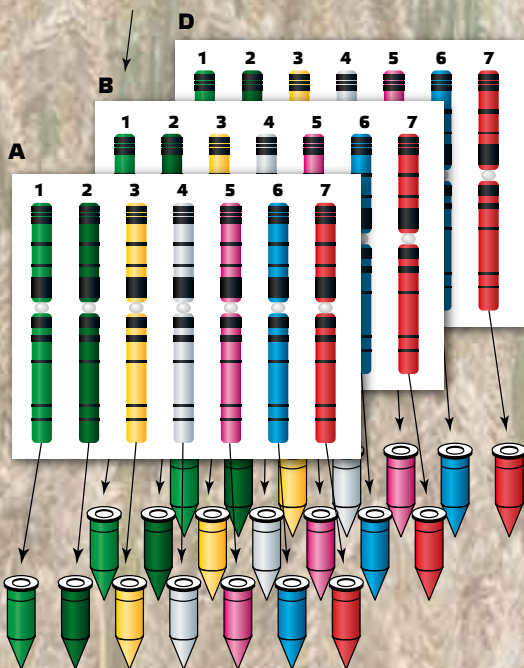
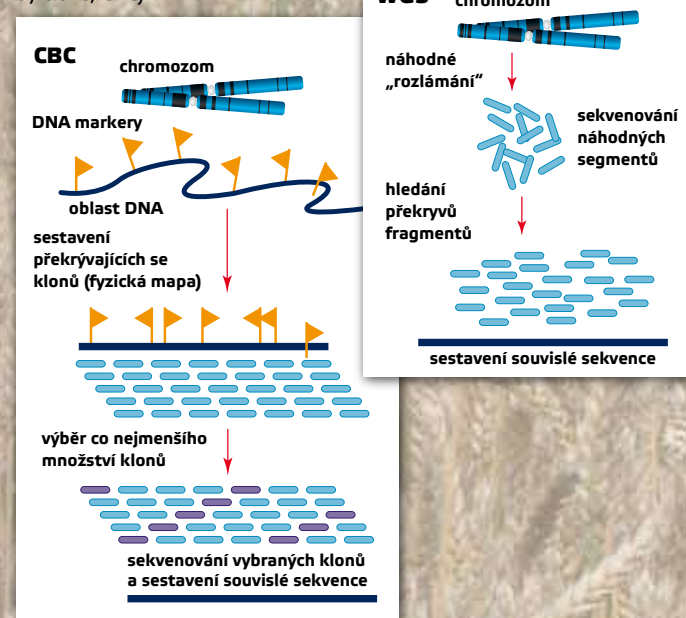
Světová produkce, spotřeba a zásoby pšenice. Produkce pšenice sice stoupá, avšak pomaleji než spotřeba. Světové zásoby se tenčí, za posledních deset let klesly zhruba na polovinu. Zdroj: Arvalis, Paříž.

Evoluce pšenice seté, na níž se zřejmě podílel člověk, vysvětluje, proč je tento genom tak obrovský. Chromozomy dělicích se buněk jsou barveny červeně. Složení genomu je charakterizováno písmeny A, B a D (každé reprezentuje jednu kopii genomu představovanou 7 chromozomy). Podle Rudiho Appelse (Murdoch University).



Jen asi 1,2 % genomu tvoří geny, zbytek tvoří negenové a repetitivní sekvence DNA.

Metody, které se používají při sekvenování genomu pšenice – sekvenování náhodně vybraných segmentů DNA a jejich následné sestavení do delších celků (whole genome shotgun, WGS) a sekvenování po klonech (clone by clone, CBC).



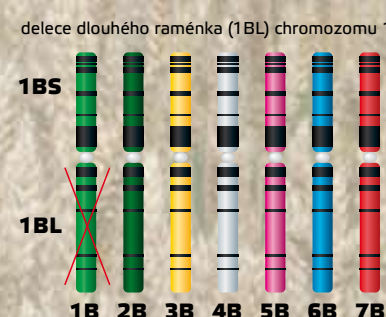
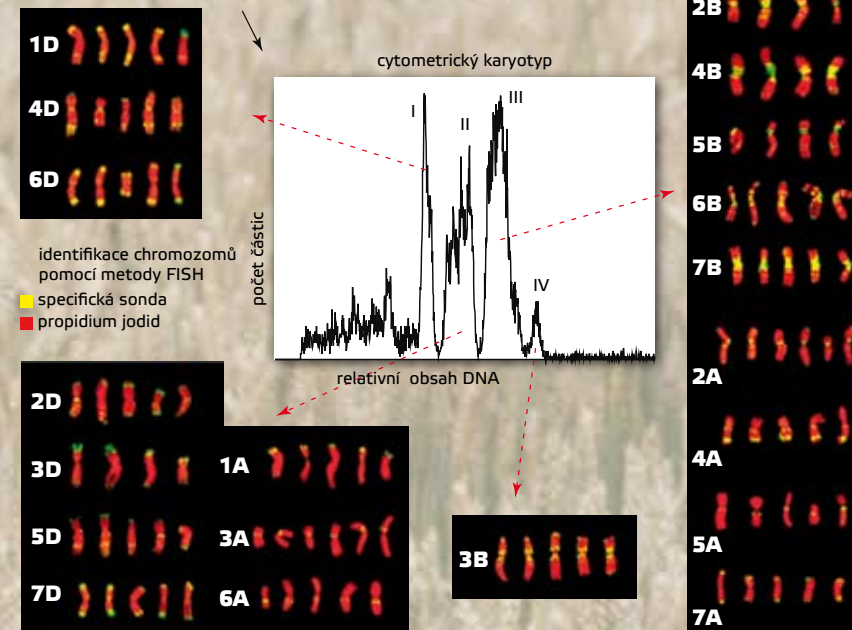
Chromozomová genomika: rozděl a sekvenuj. Genom pšenice se sekvenuje po chromozomech či raménkách chromozomů. Tomu předchází vytřídění chromozomů pomocí průtokové cytometrie. Tuto strategii navrhla a vyvinula olomoucká Laboratoř molekulární cytogenetiky a cytometrie Ústavu experimentální botaniky AV ČR, v. v. i. Jeden chromozom představuje jen 3,6–5,9 % genomu pšenice; jedno raménko chromozomu představuje dokonce jen 1,3–3,4 % genomu pšenice. Barvy pouze rozlišují jednotlivé chromozomy 1–7.

Připravil Jaroslav Doležel (Laboratoř molekulární cytogenetiky a cytometrie Ústavu experimentální botaniky AV ČR, v. v. i.), Stanislav Vaněk, layout © Pavel Hošek, dvoustrana © Vesmír

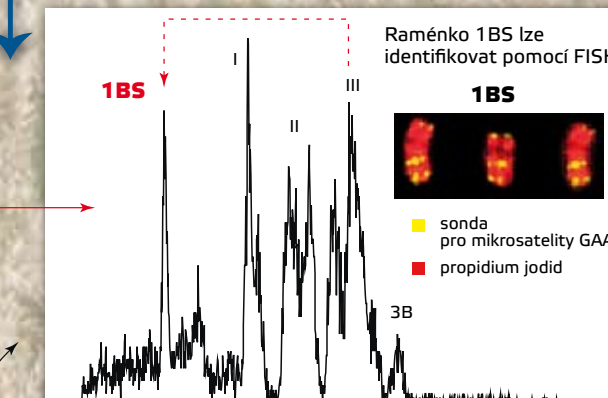


Schematické znázornění fyzické mapy chromozomu tvořené minimálním množstvím překrývajících se BAC klonů (hnědé úsečky). Mezi některými skupinami překrývajících se klonů (tzv. kontigů) jsou mezery. Tyto oblasti genomu nejsou ve fyzické mapě zastoupeny.

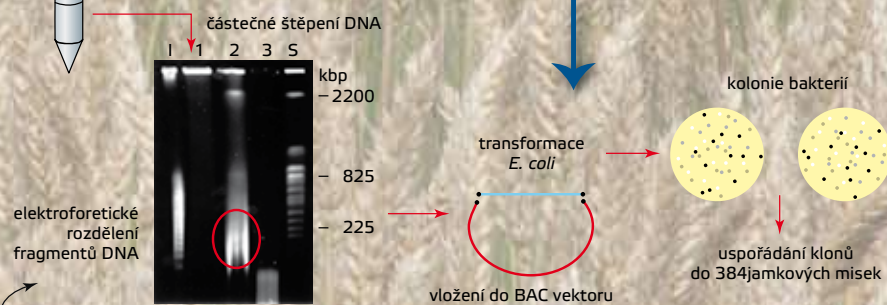
Průtoková cytogenetika hexaploidní pšenice. Chromozomy pšenice mají podobnou velikost a podle množství DNA lze třídit jen chromozom 3B, který je větší než ostatní, a má tedy nejvíce DNA. Podle Vrány et al.: Genetics 156, 2033, 2000.



V tomto příkladu zůstávají chromozomy dalších dvou genomů (A a D) nezměněny.



Třídění chromozomů na základě délky jednoho z ramének umožnil E. R. Sears, který v padesátých letech minulého století vytvořil tzv. telosomické linie pšenice. V každé z těchto linií chybí jedno z ramének některého chromozomu. Takový (telocentrický) chromozom má méně DNA než ostatní chromozomy, a lze jej pomocí průtokové cytometrie izolovat.



Spojení průtokové cytogenetiky a genomiky. DNA izolovaných chromozomů se částečně štěpí a fragmenty o velikosti 100–250kb se vloží do vektoru (umělého bakteriálního chromozomu), kterým jsou transformovány bakterie. Kolonie bakterií (v každé je jiný úsek pšeničné DNA) se jednotlivě přenášejí do 384jamkových misek, v nichž se uchovávají. DNA každého raménka chromozomu je uchovávána v asi 50 tisících BAC klonech. Více v rozhovoru na s. 561.