|  |  |
| --- | --- |
|  |  |

Tisková zpráva Praha 20. října 2020

Akademie věd ČR  
Národní 1009/3, 110 00 Praha 1   
www.avcr.cz

# GIGANTICKÉ GENOMY ROSTLIN VZNIKAJÍ HROMADĚNM REPETITIVNÍ DNA A JEJÍ PŘEMĚNOU NA „TEMNOU HMOTU“

# 

Celková délka molekul DNA v jádrech rostlinných buněk, tzv. genom, se mezi druhy liší více než 2000x. Velikost genomu přitom není úměrná počtu genů, který je u všech vyšších rostlin řádově stejný, ani velikosti a složitosti rostliny. Mechanizmus vzniku gigantických genomů rostlin objasňuje studie mezinárodního týmu vědců, která právě vyšla v časopise *Nature Plants*. Součástí týmu byli vědci z Biologického centra a Biofyzikálního ústavu Akademie věd ČR.

Například genom dubu je paradoxně 65x menší než genom drobné byliny vraního oka čtyřlistého. Vraní oko (*Paris quadrifolia*) má ve svých buňkách 58.8 miliardy bází DNA, což je asi 20x víc, než má člověk, a je tak příkladem rostlin s gigantickými genomy.

Přestože velikost genomu nemá přímou souvislost se složitostí organismů, ovlivňuje množství DNA v jádře řadu vlastností, jakou je např. délka buněčného cyklu. Ta je závislá na čase potřebném ke zkopírování genetické informace při dělení buněk, takže druhy s většími genomy obecně rostou pomaleji a potřebují delší čas na vývoj od semene ke kvetoucí rostlině.

Je zajímavé, že rostliny s gigantickými genomy jsou pak v celosvětovém měřítku výrazně častěji zastoupeny mezi kriticky ohroženými druhy, což ukazuje na jejich horší schopnost adaptace na měnící se podmínky.

Předpokládá se, že značná část variability velikostí genomů je způsobená rozdíly v hromadění repetitivní DNA, která se skládá z mnohokrát se opakujících kopií částí genetického kódu, které mají schopnost v genomu se přemisťovat a množit. Tato repetitivní DNA je zároveň z genomu v určité míře odstraňována, a právě poměr množení k odstraňování repetic vede během evoluce druhu ke změnám velikosti jeho genomu. Studie mezinárodního týmu vědců, která právě vyšla v časopise *Nature Plants* [odkaz: <https://www.nature.com/articles/s41477-020-00785-x>], tuto hypotézu pomocí sekvenování genomů a nových přístupů k analýze sekvenačních dat potvrzuje, a navíc odhaluje mechanizmus vzniku gigantických genomů rostlin.

Podle jejich zjištění k tomu vede nižší účinnost molekulárních mechanizmů odstraňování repetic z genomu a postupné hromadění mutací přeměňující repetitivní elementy v „temnou hmotu“, která již není rozeznávána jako repetitivní DNA, což umocňuje její akumulaci v genomu.

Studie byla vedena [laboratořemi J. Macase](https://avcr-my.sharepoint.com/personal/ruzickovam_ssc_cas_cz/Documents/Dokumenty/AKADEMIE%20VĚD%20ČESKÉ%20REPUBLIKY/MEDIA/TISKOVÉ%20ZPRÁVY/:/w3lamc.umbr.cas.cz/lamc/) z Biologického centra Akademie věd ČR , A. Leitch z [Queen Mary University London](https://evolve.sbcs.qmul.ac.uk/leitch/%5d) a I. Leitch z [Royal Botanic Gardens Kew](https://www.kew.org/science/our-science/people/ilia-j-leitch%5d) , ve spolupráci s dalšími pracovišti, včetně Biofyzikálního ústavu Akademie věd ČR.

Odkaz na studii: <https://rdcu.be/b8IXO>

|  |  |
| --- | --- |
|  | Genom dubu je paradoxně 65x menší než genom drobné byliny vraního oka čtyřlistého (na obrázku). Vraní oko (Paris quadrifolia) má ve svých buňkách 58.8 miliardy bází DNA, což je asi 20x víc, než má člověk, a je tak příkladem rostlin s gigantickými genomy.  FOTO: Jiří Macas |

Více informací: **RNDr. Jiří Macas, Ph.D., Biologické centrum AV ČR**  
Laboratoř molekulární cytogenetiky  
macas@umbr.cas.cz   
+420 387 775 516

<http://w3lamc.umbr.cas.cz/lamc/>