

TISKOVÁ ZPRÁVA

Olomouc 12. června 2023

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

PRŮLOMOVÝ OBJEV OLOMOUCKÝCH VĚDCŮ ODHALIL TAJEMSTVÍ PŘENOSU DNA V CHROMOZOMECH JEČMENE

Čeští a němečtí vědci se spojili, aby zaplnili bílé místo ve znalosti DNA rostlin. Zjistili, jak je uspořádána dědičná informace v chromozomech ječmene v průběhu buněčného dělení. O novém objevu, který je zásadní pro další výzkum dědičné informace rostlin, informoval prestižní časopis *Nucleic Acids Research*.

Chromozomy si lze představit jako nákladní auta, na nichž je naložena dědičná informace, kterou společně převázejí z buňky do buňky. Jejich úloha v buněčném dělení je proto velmi důležitá. Jak jsou v nich molekuly DNA uspořádané, však zůstávalo dlouho tajemstvím.

„Dosud jsme netušili, jak je tento „náklad“ organizovaný,“ potvrzuje Jaroslav Doležel z Ústavu experimentální botaniky AV ČR, který se na výzkumu podílel. *„Nyní už víme, že se chromozomy skládají ze spirálovitě stočeného vlákna chromatinu o tloušťce 400 nanometrů, které je tvořeno složitě uspořádanými smyčkami molekuly DNA. To umožňuje sbalit vlákna o délce kolem 20 cm, která nesou dědičnou informaci ječmene, do útvarů přibližně 25 000× kratších,“* dodává Jaroslav Doležel. Toto zjištění je důležité a významně doplní učebnice genetiky.

Unikátní technologie pomohly k přečtení a analyzování milionů chromozomů

Významný úspěch si připisují vědci z olomouckého pracoviště Ústavu experimentální botaniky AV ČR (ÚEB AV ČR) společně s německými kolegy z Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research. Olomoučtí vědci disponují nejmodernějšími přístroji a technologiemi a jako jediní na světě dokážou izolovat obrovská, několikamilionová množství chromozomů rostlin, což bylo pro tento výzkum nezbytným předpokladem. Němečtí kolegové přispěli metodami molekulární cytogenetiky a počítačovým modelováním. Práce obou týmů trvala více než pět let. K pokusům využili ječmen, jehož genom je rozdělený jen na sedm velkých chromozomů. Rostlinní genetici z Olomouce je izolovali pomocí laserové průtokové cytometrie. Výsledky jejich bádání jsou obecně platné pro celou rostlinnou říši.

Odborníkům z ÚEB AV ČR podle vědkyně Hany Šimkové, která vědeckou skupinu vedla, nejprve pomohla náročná počítačová simulace uspořádání DNA v chromozomech, která vycházela z dat

Kontakt pro média: **Eliška Zvolánková**
Divize vnějších vztahů AV ČR
press@avcr.cz
+420 739 535 007

Radoslava Kvasničková
Ústav experimentální botaniky AV ČR
kvasnickova@ueb.cas.cz
+420 602 175 579

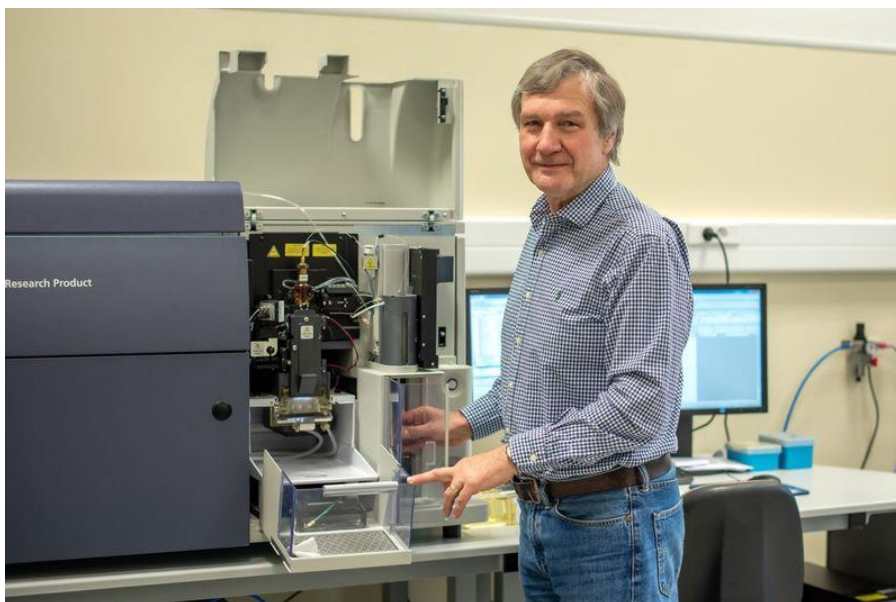
získaných metodou Hi-C. „Tato technika využívá sekvenační technologii nové generace k zachycení vzájemné interakce různých oblastí genomu. Námí navržený teoretický model jsme potvrdili na nejmodernějším vysoce rozlišovacím mikroskopu, který dokáže vymodelovat trojrozměrnou strukturu zkoumaného vzorku,“ dodává Hana Šimková.

„Jsem rád, že se kolegům podařilo zaplnit významnou mezeru v popisu struktury dědičné informace v průběhu buněčného dělení a přenosu do potomstev,“ shrnuje vedoucí Centra strukturní a funkční genomiky rostlin ÚEB Jan Bartoš. „Jde o důležitý objev základního výzkumu, který nám pomůže lépe chápat fungování DNA a který využijí další vědci při své práci,“ říká Jan Bartoš.

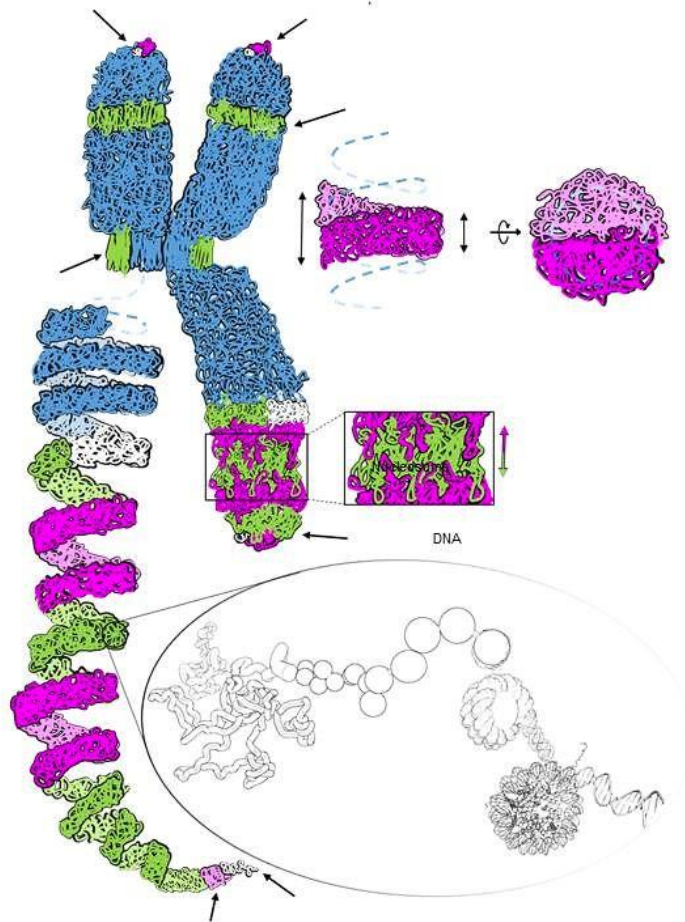
Fotogalerie © ÚEB AV ČR:



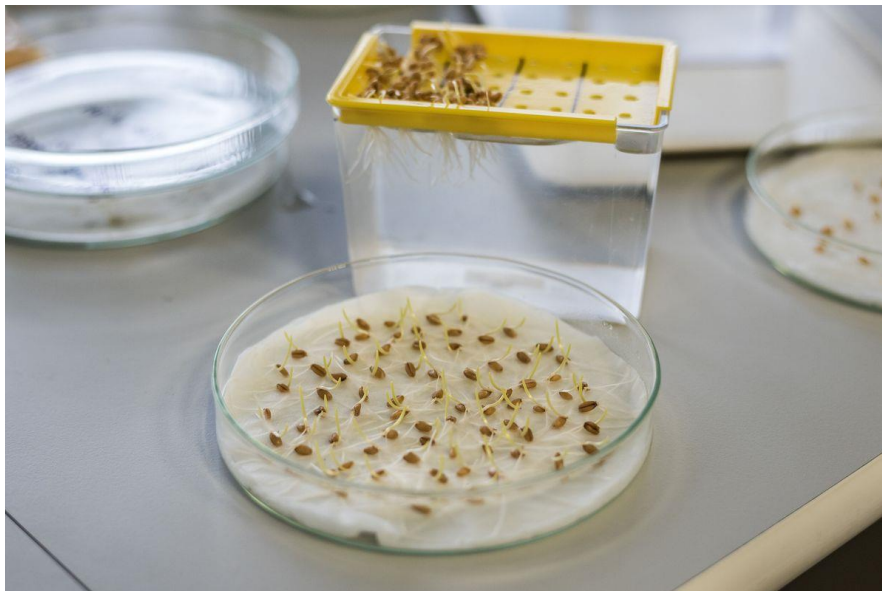
Budova olomouckého pracoviště ÚEB



Jaroslav Doležel u průtokového cytometru. Bez tohoto speciálního přístroje by nebylo možné třídit chromozomy



Model mitotického chromozomu, na ktorém je vidieť spirálovitě stočené vlákno chromatinu, ktoré je tvořené složitě uspořádanými smyčkami molekuly DNA



Semena pokusných rostlin