

# Co nám prozradí velikost rostlinných genomů a poměr AT/GC v DNA

Co variabilita v genomových vlastnostech znamená pro rostliny (i jiné organismy)?

## Větší genom = větší buňka

Tento vztah může nejspíš za to, že rostliny s velkými genomy nemůžou být stromy, ale testujeme i to, zda velikost genomu díky vlivu na velikost průduchů ovlivňuje celkovou fyziologii rostlin a jejich úspěch nebo neúspěch v měnícím se klimatu (např. za nízké koncentrace CO<sub>2</sub> v glaciálu nebo při současném dlouhodobém suchu).

## Větší genom = pomalejší dělení buněk

Tento vztah určuje nejen to, které rostliny mohou nebo nemohou být jednoletky, ale pomáhá nám obecně chápat důvody pro rozdílnou rychlost růstu rostlin a některé jejich životní strategie.

## Větší genom = víc fosforu pro tvorbu DNA?

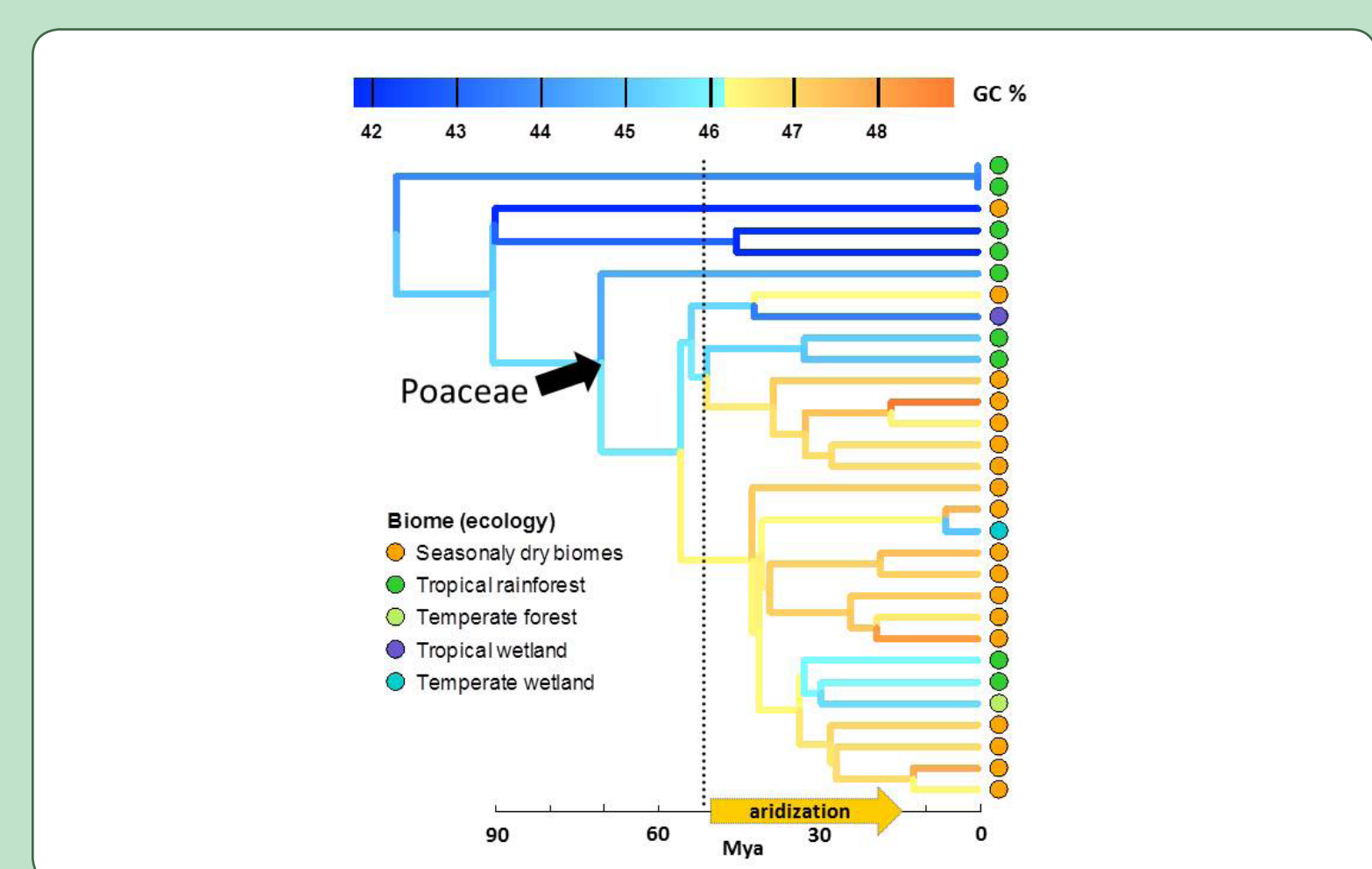
Tuto hypotézu testujeme v dlouhodobých živinových experimentech, v územích s rozdílnou dostupností půdního fosforu (Kapsko, Špicberky) nebo u druhů s velmi rozdílnou velikostí genomu.



Diploidní a dekaploidní kopretiny se liší velikostí buněk i úborů – budou mít ale díky různému obsahu DNA i různé nároky na fosfor?

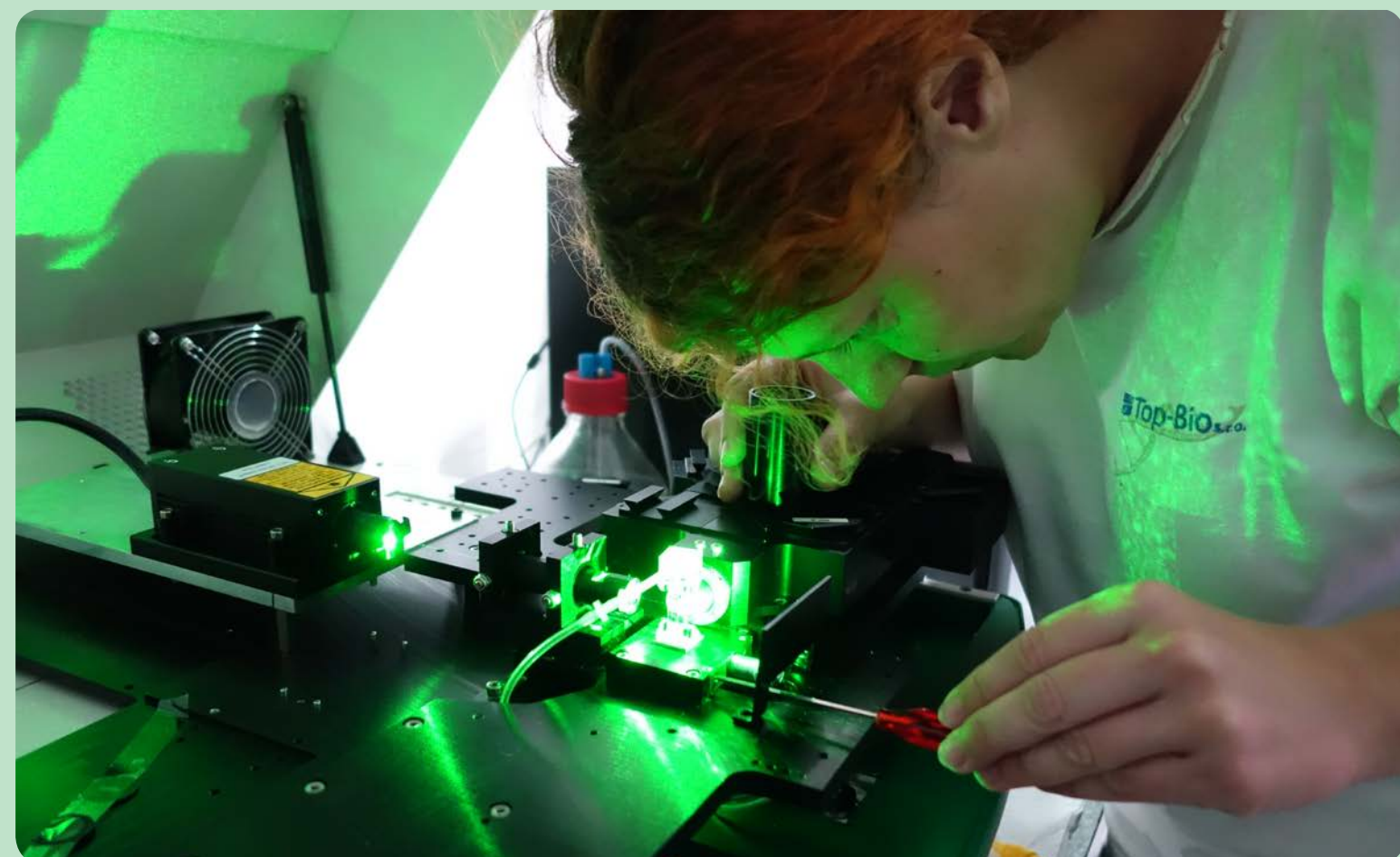
## Víc GC v DNA = mechanicky stabilnější DNA?

Větší stabilita DNA umožňuje mikroorganismům žít v horkých pramenech, u rostlin se nám ale ukazuje spíše její souvislost s tolerancí buněk k vyschnutí nebo zmrznutí. To by např. mohlo vysvětlit celosvětovou domi-



Evoluční úspěch trav (*Poaceae*) v suchých biomech koreponduje s nárůstem obsahu GC bazí.

nanci trav (bohatých na guanin-cytosin) v suchem nebo mrazem ovlivněných oblastech (savany, stepi, tundra), pracujeme ale i s dalšími zajímavými hypotézami.



Flotila našich sedmi cytometrů a zkušená obsluha nám umožňuje souběžně měřit velké množství vzorků.

## Co zkoumáme?

- Vnitrodruhovou a vnitropopulační variabilitu ve velikosti genomu – pomáhá nám odhalit, jak vlastně v přírodě vznikají druhy s různě velkým genomem.
- Všechny druhy české flóry (máme změřeno přes 2000 druhů, přirozeně rostoucích v naší přírodě) – rozsáhlý soubor údajů nám umožňuje zjistit, jak vlastnosti genomů ovlivňují ekologii, rozšíření a soužití rostlin.
- Zástupce všech čeledí cévnatých rostlin a vybrané druhy s extrémně malými nebo velkými genomy – jejich srovnání nám ukazuje, jak se genomy rostlin v minulosti vyvíjely a kam až tento vývoj může zajít.
- Stupeň ploidie (počet chromozomových sad) – umožňuje nám určovat rostliny v taxonomicky složitých skupinách, detekovat hybridy, odhalovat nové nepopsané druhy nebo objevovat další evoluční/botanické zvláštnosti. Tak jsme například objevili dosud neznámou polyploidii u jinanu dvoulaločného.
- Zajímají nás i genomy živočichů, kde je údajů stále relativně málo.



Náš polyploidní jinan – možná první za posledních 300 milionů let!



Měření fyziologických vlastností genomových obrů a trpaslíků.



Sběry na Špicberkách, ráji polyploidních rostlin.