

KVANTITATIVNÍ ZNAKY U RÝŽE

➤ *Rýže jako modelový organismus*

- nejlépe molekulárně geneticky prozkoumaný organismus jednoděložných rostlin
- diploidní organismus s 12 chromosomovými páry s jedním s nejmenších známých genomů jednoděložných rostlin, asi 450 Mb
- existence obrovského množství kultivovaných variet a standardních druhů, což činí více než 120 tisíc známých údajů
- jednotlivé variety mohou být regenerovány z protoplastů
- u rýže je dosahováno relativně vysokého stupně úspěšnosti transformace v porovnání s dalšími obilninami
- genetické základy heterose, čili tvorby hybridů rýže byly pochopeny nejdříve v Číně
- US Department of Agriculture a Nations Agriculture Library zajišťují přístup k široké škále dat o genomu rýže prostřednictvím WWW serveru (<http://ars-genome.cornell.edu/>)

Databases

Genome

- [Grasses](#)
- [Dicots & Trees](#)
- [Models & Small Plantwide Genes](#)
- [Botanical](#)
- [Animal](#)

- [Search all](#)
- [Crop Newsletters](#)

Demeter's Genomes

Help

Other Sites

Software

About

- [Demeter's Genomes](#)
- [USDA-ARS CAB](#)
- [Staff, contact people](#)

➤ *Produkce rýže*

- *Orhyza sativa* je pěstována na více než 148 milionech hektarech a živí asi 50% světové populace lidí
- situace je ovlivněná potřebou zvyšování celosvětové produkce rýže vedoucí k zamezení hladovění rostoucí populace
- primární studie kvantitativních znaků u rýže probíhaly na znacích rezistence k chorobám, abiotickému stresu a znakům asociujícím s výnosem
- původní biotopy rýže jsou velice rozmanité. Přírodní podmínky zahrnují i suché náhorní oblasti, největší produkce je samozřejmě v zavodněných nížinách
- problém s nadměrným používáním pesticidů, což je v současnosti nezbytnou podmínkou ke zvyšování produkce, potažmo k zajištění dostatečných potravních zdrojů na naší planetě

➤ *Analytické přístupy*

- nejpoužívanější metody při mapování a identifikaci kvantitativních znaků jsou:
 - RFLP - polymorfismus délky restrikčních fragmentů
 - PCR - polymerázová řetězová reakce založená na molekulárních markerech
- základem detekce kvantitativních znaků je identifikace genetických markerů asociujících s geneticky determinovanými fenotypy
- postupuje se dělením populace do tříd s odlišnými genotypy markerových lokusů
- intervalové mapování se používá k identifikaci jednotlivých kvantitativních znaků při zpětném křížení v F₂ experimentální populaci za použití software MAPMARKER/QTL
- rekombinantní inbrední linie (RIL) se vytvářejí po identifikaci polygenů
- souběžně s odhadem fenotypových účinků se provádí rozeznávání mezi variancí způsobenou vnějším prostředím (interakce genotypu s prostředím program GXE), interakce genů na různých lokusech nebo alel ve stejných lokusech (superdominance).

➤ **Mapování kvantitativních znaků u rýže**

- u rýže existují dvě velice dobře saturované molekulární vazbové mapy (asi 2000 vhodných zmapovaných molekulárních markerů)
- komparativní mapování u *Graminea* druhů takových, jako pšenice, ječmen, žito, oves a kukuřice ukázaly, že jednotlivé druhy zdědily velké segmenty chromosomů po společných předcích. Celkově lze konstatovat, že rodina trav se jeví jako moderní systém pro komparativní a evoluční studie u rostlin
- u rýže je nejlépe rozvinuto pět směrů mapových studií. Tyto studie se soustředí na:
 - **resistence k chorobám**
 - **resistence k suchu**
 - **doba květenství**
 - **výnos**
 - **komerčně zajímavé znaky**

➤ **Resistence rýže ke sněti**

- jedna z chrob s nejvíce devastujícími účinky u rostlin (*Pyricularia oryzae*)
- tvorba linií pro kompletní i částečnou resistenci
- obecný přístup k poznání genetických komplexů resistance k chorobám je
 - pomocí rekombinantních inbredních linií
 - poznáním specifických markerů, které by mohly být použity universálně (tři z markerových lokusů projevují částečnou resistenci)

➤ **Resistence rýže ke sněti obalové (sheath blight)**

- chorobu způsobuje organismus *Rhizictonia solani*
- QTL geny kompletní rezistence k této chorobě jsou lokalizovány na 6. a 12. chromosomu rýže a zodpovídají za 60% celkové variability rezistence
- dědičnost resistance ke sněti se u rýže projevuje různě v rozdílných podmínkách

➤ **Kořenová charakteristika související s odolností k suchu**

- stres způsobený suchem zhoršuje projev sněti a společně s těmito dvěma faktory vytváří hlavní omezení v produkci rýže
- 5 QTL bylo zmapováno v experimentech na morfologii kořenů rýže

- linie rezistentní ke sněti *Moroberekan* je tolerantní k suchu a roste v náhorních oblastech, má dlouhý tlustý kořenový systém, který dovoluje redukovat stres ze sucha
- více než 50% údajných QTL asociujících s charakteristikami kořenů bylo mapováno v chromosomálních oblastech, které odpovídají za resistenci k suchu
- tolerance k suchu je důsledkem lepší schopnosti osmotického přizpůsobení

➤ *Zrání a fotosensitivita*

- fotosensitivita je základní rys adaptace rostlin k vnějším podmínkám
- alely podílející se na fotosensitivitě
 - odpovídají za změny ve fotoperiodické regulaci posunu z vegetativní na reprodukční fázi vývoje rostlin
 - podílí se na zvyšování počtu generací a množství výnosu za rok
 - homologní lokusy u rýže, pšenice, ječmene a kukuřice
 - QTL odpovídající za kvetení a zrání
 - některé ze stejných lokusů jsou aktivní u řady rozdílných genotypů rýže a projevují se například s resistencí proti sněti a proti suchu
 - některé lokusy u rýže prokazují pleiotropní efekt na více znaků.

➤ *Tvorba palice a výška rostliny*

- doba tvorby palice se liší o 6 dní u znaků *HD* (heading date) a *PH* (plant height), v některých případech až o 8 dní
- celkem 4 QTL, které odpovídaly za změnu 4-7 cm výšky bylo mapováno a odpovídaly za 48,8% sledované fenotypové variance ve výšce rostlin

➤ *Výnos*

- hlavně ve spojení s heterozí
- základem jsou RIL populace vzniklé křížením
- základ QTL mapování u rýže zvyšuje schopnost určit alelické sestavy prokazujících původ u obou rodičů

➤ *Aroma u rýže*

- aroma rýže řídí jeden major gen a dva QTL
- k jejich identifikaci bylo zapotřebí kombinace technologií pro kvantifikaci volatilních složek (plynová chromatografie) a molekulárně genetické mapování čtyř známých markerů
- některé markery na 8. chromosomu leží v těsné blízkosti major genů řídících přítomnost 2-acetyl-1-pyrroline (AcPy), hlavní složky aroma rýže, která je regulována dvěma chromosomálními regiony.

➤ *Budoucí směry mapování kvantitativních znaků u rýže*

- u rýže se informace o jednotlivých varietách evidují již 30-50 let a je jich mnoho tisíc, semena rýže mohou být udržována dlouhodobě, více než 50 let
- současně se vyvíjejí modely pro determinaci specifických regionů na chromosomech původních linií a možnost jejich reintrodukce do stávajících linií
- strategie klonování QTL je postavená na využití transposibilních elementů
- pochopení polygenní dědičnosti a mapování polygenů dovolí klonování původních genů z rostlin v bankách
- šlechtitelské instituce
 - International Rice Germplasm Collection
 - International Rice Testing Program v IRRI