

Rámcová témata Doktorských dizertačních a diplomových prací (UEB v Olomouci)

Molekulární charakterizace meiotických rekombinací u pšenice.

(Školitel: Mgr. Miroslav Valárik, PhD.)

Meiotická rekombinace je hlavní silou evoluce a adaptace vyšších rostlin. Místa rekombinací nejsou náhodná, protože je možné najít místa s vyšší frekvencí rekombinace než je průměr, tzv. „rekombinační hotspoty“. I když je toto téma podrobně studované po mnoho desetiletí, sekvence míst kde k rekombinaci dochází, nebylo možné získat. Nedávné pokroky v molekulární biologii jako technologie „Next Generation“ sekvenování (NGS) a třídění rostlinných chromosomů umožňuje získat sekvence míst rekombinace i v tak velkém a komplexním genomu jaký má pšenice setá. Cílem práce je identifikace několik míst rekombinace na chromosomu 4A pšenice použitím již existující vysoko-hustotní genetické a fyzické mapy a jejich charakterizace. Vývoj molekulárních markerů, genotypování, „chromosome walking“, sekvenování BAC klonů a analýza sekvencí budou základními metodami pro dosažení cíle práce.

Konstrukce mapovací populace a vysoko hustotní mapování genu rezistence vůči padlí travnímu u *T. durum*.

(Školitel Mgr. Miroslav Valárik, PhD.)

Infekce pšenice houbou *B. graminis* je příčinou nemoci Padlí travní. Studium interakcí tohoto patogenu a hostitel je základním předpokladem efektivního šlechtění odrůd odolných vůči nemoci padlí travní. Protože standardní geny rezistence (R geny) se vyznačují specificitou k jednotlivým rasám patogenu a relativně krátkou trvanlivostí (cca pět let) je vyhledávání nových genů odolnosti k padlí hlavní výzvou současného šlechtění. Nedávno byl v krajové odrůdě pšenice tvrdé identifikovaný gen rezistence k padlí travnímu fungující bez ohledu na rasu a však pouze v homozygotně recesivní konstituci. I když je mapování v tetraploidním genomu pšenice stále komplikované s publikací referenčního genomu se situace výrazně zjednodušila. Proto je hlavním předpokladem úspěšného mapování genů kvalitní genotypování a konstrukce genetické mapy. Hlavním cílem diplomové práce bude konstruovat vysokohustotní genetickou mapu v oblasti tohoto genu. Hlavními nástroji konstrukce vysokohustotní mapy práce budou extrakce DNA z rostlinných vzorků, polymerázová řetězová reakce a práce s mapovací populací (genotypování), patogenem (fenotypování).

Kontakt:

Dr. Miroslav Valarik (valarik@ueb.cas.cz).

Centre of the Region Haná for Biotechnological and Agricultural Research
Centre of Plant Structural and Functional Genomics
Institute of Experimental Botany AS CR
Slechtitelu 31
Building E
78371 Olomouc
Czech Republic

Tel: +420 585 238 714

Fax: +420 585 238 704

www: <http://olomouc.ueb.cas.cz/>