

Podklady pro habilitační řízení - Nejvýznamnější práce uchazeče

RNDr. David Kopecký, Ph.D.

**Kopecký, D.*, Loureiro, J., Zwierzykowski, Z., Ghesquiere, M. and Doležel, J. (2006).
Genome constitution and evolution in *Lolium* × *Festuca* hybrid cultivars (*Festulolium*).
Theoretical and Applied Genetics 113: 731-742.**

V této práci volně navazující na doktorskou práci jsme popsali genomové složení všech v té době volně dostupných odrůd kříženců xFestulolium. Tento travní kříženec se na počátku století dostal do hledáčku šlechtitelů a farmářů pro kombinaci agronomicky významných znaků z obou rodičů. Vzhledem k cizosprašnosti a absenci meiotického regulačního aparátu je ale genomové složení odrůd značně variabilní. Otázka té doby zněla, zda jsou všechny odrůdy skutečně hybridní. V naší práci jsme prokázali, že u některých odrůd došlo k úplné eliminaci jednoho z rodičovských genomů. Zajímavým zjištěním bylo, že dominantní je vždy genom jílku a eliminován genom kostřavy. Tématem genomové dominance u kříženců se zabýváme dodnes. Pro (nejen české) šlechtitele bylo prokázání hybridity významným krokem ke komercionalizaci tohoto křížence na trhu s osivem.

Kopecký, D.*, Martis, M., Číhalíková, J., Hřibová, E., Vrána, J., Bartoš, J., Kopecká, J., Cattonaro, F., Stočes, S., Novák, P., Neumann, P., Macas, J., Šimková, H., Studer, B., Asp, T., Baird, J.H., Navrátil, P., Karafiátová, M., Kubaláková, M., Šafář, J., Mayer, K., Doležel, J. (2013). Flow Sorting and Sequencing Meadow Fescue Chromosome 4F. *Plant Physiology* 163: 1323-1337.

Zavedení průtokové cytometrie pro studium velkých genomů na našem pracovišti umožnilo podrobnou genomovou analýzu chromozomu 4F z kostřavy luční. Po synchronizaci buněčného cyklu v meristematických buňkách kořenových špiček jsme tento chromozóm pomocí průtokového cytometru vytrídili a osekvenovali (Illumina). Porovnáním sekvencí s referenčními genomy rýže, čiroku, válečky (*Brachypodium distachyon*) a ječmene jsme byly schopni odvodit chromozomové přestavby, které se udály během evoluce těchto druhů. Jako významný vedlejší produkt jsme získali množství molekulárně cytogenetických markerů, které nám umožnili velmi detailní identifikaci jednotlivých chromozomů. Toho využíváme třeba pro precizní charakterizaci jednotlivých rostlin kříženců kostřavy luční s jílky (xFestulolium).

Mahelka, V., Krak, K., Kopecký, D., Fehrer, J., Šafář, J., Bartoš, J., Hobza, R., Blavet, N., Blattner, F.R. (2017). Multiple horizontal transfers of nuclear ribosomal genes between phylogenetically distinct grass lineages. *PNAS* 114: 1726-1731.

Dlouhodobá spolupráce s kolegy z Botanického ústavu vyústila ve významnou práci na poli přenosu cizorodého materiálu mezi fylogeneticky vzdálenými skupinami trav. Navázali jsme na naši předešlou práci (Mahelka a Kopecký, *Molecular Biology and Evolution*, 2010), kde jsme prokázali hybridní původ pýru *Agropyron repens* a rovněž přítomnost malého chromozomového segmentu z prosa (*Panicum bergii*). V této práci jsme zjistili, že přenos cizorodého materiálu nebyl ojedinělý. U některých druhů ječmene (jeden z rodičovských druhů pýru) jsme zaznamenali výskyt cizorodé DNA až z šesti různých donorů. Jako nejpravděpodobnější se jeví hypotéza horizontálního přenosu, byť možnost několikanásobné hybridizace nelze vyloučit.