

D o d a v a t e l : IČ: 26791251 DIČ: CZ26791251 Tel: 571658195 OSEVA vývoj a výzkum s.r. Hamerská 698 756 54 Zubří Banka a číslo účtu: ČSOB Rožnov pod Radhoštěm 180507254/0300 VS: 20013 KS: 0308	O d b ě r a t e l : IČ: 72021071 Kód: Č 1 DIČ: CZ72021071 Česká technologická plat- forma rost.biotechnologií / nám.starosty Pavla 14 272 56 Kladno Datum zdanit. plnění: 30.11.2020 Datum vystavení: 30.11.2020 DATUM SPLATNOSTI: 14.12.2020		
WEB PLATFORMA			
Č Á S T K A K Ú H R A D Ě	6 050,00 Kč		
R E K A P I T U L A C E			
% DPH	Kč bez DPH	PODLE SAZEB DPH:	Kč celkem
		Kč DPH	
21.00	5 000,00	1 050,00	6 050,00

P Ř Í L O H A :

Popis dodávky

Množství	Jed.	Cena za jed.	Kč bez DPH	% DPH	Kč DPH	Kč Celkem
Aktualizace web platformy		5000.00	5000.00	21	1050.00	6050.00
KONEC PŘÍLOHY						

C E L K E M

6 050,00 Kč

VYSTAVIL(A): Machková Jaroslava

OSEVA vývoj a výzkum s.r.o.
razítko a podpis
Zubří, Hamerská 698, 756 54
IČO: 26791251 Tel: 571 688 135

Metody molekulární biologie napomáhají k rychlejšímu šlechtění trav

Národní Centrum Kompetence Biotechnologické centrum pro genotypování rostlin TN01000062 bylo podpořeno v rámci první výzvy programu Národního centra kompetence Technologické agentury ČR. Společnost OSEVA vývoj a výzkum, s.r.o. je součástí tohoto národního projektu spolu s více než desíti dalšími členy. Oblast zaměření je široká, spolu s partnery se zaměřujeme na řešení dílčích projektů týkajících se brambor, ječmene, jetele, hrachu, ovoce a trav. Výstupy projektů jsou směřovány ke konečnému spotřebiteli, tedy šlechtiteli, pěstiteli, zpracovateli a konzumentu.

OSEVA vývoj a výzkum s.r.o. se v rámci projektu Národního Centra Kompetence zabývá od roku 2019 sběrem fenotypových dat, které slouží k následnému propojení testovací sady asociovaných SNP markerů s vybranými specifickými agronomicky významnými znaky u odrůd *×Festulolium* (přirozený nebo syntetický mezirodový kříženec mezi obligátně cizosprašnými druhy rodů *Festuca* a *Lolium*). Pro tyto účely byla na pracovišti v Zubří založena školka s 282 položkami, která obsahuje 38 unikátních položek + 9 biologických replik. V červnu v roce 2019 byly v této školce odebrány vzorky, ze kterých byla extrahována DNA na pracovišti ÚEB AV ČR v Olomouci, v.v.i., poté byl každý vzorek s izolovanou DNA zaslán do Diversity Arrays Technology Pty LTD., Canberra, Austrálie k vlastní analýze genotypu pomocí DArTSeq analýzy.

Metody detekce SNP se v posledních letech významně rozvíjejí. Pro identifikaci jednotlivých jednonukleotidových polymorfismů (SNP) byla použita metoda DArTseq pro detekci SNP celogenomového genotypu rostlin *×Festulolium*, které byly dále použity pro celogenomovou asociační analýzu. V porovnání s jinými metodami redukce komplexity



genomu se DArTseq zaměřuje na unikátní oblasti v genomu, které jsou často typické pro genové oblasti s vysokou informativní hodnotou. Výsledky jsou bioinformaticky zpracovány, přičemž jsou detekovány zejména jednonukleotidové polymorfismy (SNP) napříč celým genomem. Vysoké pokrytí sekvenace navíc umožňuje správně odhalit i alelické stavy u polyploidních nebo hybridních jedinců. Výsledky celogenomového genotypování jsou

následně propojeny s pozorovanými fenotypovými daty při celogenomové asociační studii (GWAS), jejímž výsledkem je identifikace konkrétních SNP markerů asociovaných s danými fenotypovými projevy.

V roce 2019 a 2020 byly hodnoceny následující fenotypové projevy: odolnost vůči suchu, šířka listů, vegetativních odnoží, odolnost vůči vyzimování, odolnost vůči mrazu, začátek sloupkování, začátek metání, tvar trsu ve vegetativním stavu, odolnosti vůči paličkovici nachové (*Claviceps purpurea* Tul.), odolnost vůči rzi (*Puccinia* sp.) a výnos suché hmoty z první seče. Na základě výsledků z celogenomové asociační analýzy byl podán užitečné vzory.

Předmětem technického řešení 1. užitného vzoru je sada o počtu 88 SNP markerů pro fenotypové projevy a předmětem technického řešení pro 2. užitný vzor je sada o počtu 208 SNP markerů pro predikci výnosu suché hmoty.



Díky těmto sadám SNP budou mít šlechtitelé k dispozici dílčí genotypové informace umožňující řízené využití genetických markerů pro výběr vhodných genotypů v rámci dalšího šlechtění. Nové metody umožní zrychlit a zpřesnit proces šlechtění na adaptabilitu vůči stresovým faktorům při zvyšování produktivity a kvality píce nových odrůd. V současné době pokračuje na pracovišti v Zubří sběr a zpracování dat pro nové SNP markery asociované s dalšími významnými specifickými vlastnostmi *×Festulolium*, které jsou využitelné pro další šlechtění, a to s využitím aktuálních metod molekulární biologie a následného bioinformatického zpracování získaných dat.

Ing. Iva Drápalová

OSEVA vývoj a výzkum s.r.o., Zubří