**Transkriptomická analýza oddenků pýru plazivého v rané fázi dehydratačního stresu**

Svoboda P.1, Janská A.1, Spiwok V.2, Kučera L.1, Ovesná J.1

*1Tým molekulární genetiky, Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i., Drnovská 507, 166 00, Praha*

*2Oddělení biochemie a mikrobiologie, Fakulta potravinářské a biochemické technologie, Vysoká škola chemicko-technologická, Technická 5, 166 28, Praha*

Sucho je závažným problémem současného zemědělství s prognózou eskalace do budoucna. Jedním z předpokladů zajištění potravinové bezpečnosti při předpokládaném nárůstu lidské populace bude vývin kultivarů hospodářských plodin, jež budou schopny zachovat si životaschopnost i v nepříznivých podmínkách při minimální výnosové penalizaci. Cílená konstrukce odolných genotypů vyžaduje poznání mechanismů, jež rostlinám umožňují se na stres adaptovat. Výborným prostředkem k dosažení tohoto cíle je expresní profilování s využitím DNA čipů. Tato technologie se v minulosti ukázala jako nanejvýš vhodná pro studium konsekvencí dehydratačního stresu u rozličných kulturních rostlin. Méně početné jsou experimenty, jež hodnotily dopad sucha na plané druhy rostlin. Tyto plané genotypy se však často vyznačují vyšší odolností vůči nepříznivým podmínkám a představují tak cenný zdroj genetické variability pro kulturní druhy. Jedním z takovýchto genotypů je i pýr plazivý (*Elytrigia repens* (L.) Nevski), jenž je závažným plevelným druhem jak v národním, tak i globálním měřítku. V půdě pýr setrvává ve formě článkovaných oddenků, jež mají obrovský regenerační potenciál a jsou rovněž odolné vůči vysýchání, což z nich činí výborný objekt pro studium adaptačních mechanismů rostlin na stres suchem. V tomto experimentu jsme se proto zaměřili na transkriptomickou analýzu oddenků pýru plazivého v průběhu raného stádia dehydratačního stresu. S využitím DNA čipů byla porovnávána odezva nestresovaných oddenků a oddenků po expozici 1, 2 a 3 hodinám stresu suchem. Jelikož dosud neexistuje specializovaný čip pro pýr plazivý, byla použita vhodná substituce, a to ve formě DNA čipu ječmene (Affymetrix 22 K Barley1 GeneChip Genome Array), který byl vybrán s ohledem na sestavu genomu (StStH) *E. repens*. Genom H tohoto allohexaploidního druhu (2n=42) má nejblíže k r. *Hordeum*, což umožňuje využití molekulárních postupů uplatňovaných při studiu ječmene i pro studium pýru plazivého.