**Sekvence genomu turanky kanadské**

**A chromosome‐scale draft sequence of the Canada fleabane genome**

Laforest, M., Martin S. L., Bisaillon, K., Meloche, S., Page, E. 2020. A chromosome‐scale draft sequence of the Canada fleabane genome. [Pest Management Science](https://onlinelibrary.wiley.com/journal/15264998) 76 (6): 2158 – 2169.

**Klíčová slova:** Conyza canadensis; plevele; DNA studie

**Dostupný z:** <https://doi.org/10.1002/ps.5753>

Vzhledem ke stále větší dostupnosti nových technologií se zejména genomika stává běžnou součástí celé řady oblastí výzkumu, včetně studia zemědělských organizmů. Začíná být využívána i v oblasti herbologie, tedy vědě o plevelných rostlinách. V posledních letech byly zpřístupněny genomové sekvence v souvislosti s několika řešenými výzkumnými projekty, které podporuje „Mezinárodní konsorcium genomů plevelů“. Sekvence chromozomového měřítka jsou nezbytné pro poznání jednotlivých plevelných druhů.

Výzkum byl zaměřen na významný plevelný druh turanku kanadskou *Conyza canadensis*. Ve výzkumu byla použita sekvenční technologie třetí generace k vytvoření genomové sestavy 426 megabází, z nichž devět chromosomových vazem pokrývá více než 98% celé sestavené sekvence. Tento plevelných druh byl na světě identifikován jako první s rezistencí vůči glyfosátu. Podařilo se definovat a označit genomovou sekvencí genů, o nichž je známo, že jsou spojeny s rezistencí vůči herbicidům. Významným zjištěním je, že byl identifikován vysoký počet transportérů ABC, cytochromu P450 a glykosyltransferáz (159, 352 a 181).

Vzhledem k tomu, že *C. canadensis* má malý genom, který je synchronní s jinými rostlinami z čeledi Asteraceaes, má krátký životní cyklus a je relativně snadno křížitelný, má potenciál stát se modelovým druhem plevelu. Pomocí genomové sekvence v chromozomovém měřítku může přispět k výzkumu v této oblasti.

**Zpracoval**: doc. Ing. Jan Mikulka, CSc., Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i. Praha – Ruzyně, mikulka@vurv.cz