

Vít Latzel: Epigenetická paměť je jedním z klíčů k přežití rostlin v proměnlivém světě (Živa 2025, 3: 100–103)

Doplňující obr.: Jak prostředí formuje dědičné informace – příklad jahodníku obecného

Tento obrázek kombinuje mapu odběrů populací jahodníku obecného (*Fragaria vesca*) a výsledky genetických analýz. Zkoumali jsme, jak se mezi různými lokalitami liší nejen samotné DNA, ale také její **epigenetická variabilita** (konkrétně metylace DNA) a **genová exprese** – tedy jaké geny jsou kdy a jak silně zapínány.

- **(a)** Na mapě jsou zakresleny přírodní lokality, odkud byly rostliny odebrány.
- **(b)** Genetické informace (tzv. SNPs – jednonukleotidové polymorfismy) byly měřeny pouze u rostlin z pokusné zahrady, které jsou **klonálními potomky** rostlin z přírody – a tedy geneticky totožné.
- **(c)** Také genová exprese byla měřena pouze u těchto potomků.
- **(d–f)** Zde jsou znázorněny rozdíly v metylaci DNA ve třech různých „kontextech“ (CG, CHG a CHH; C – cytozin, G – guanin, H – adenin, cytozin, thymin), u rostlin z přírody i z pokusné zahrady.

I když jde o zjednodušené zobrazení složitých dat, obrázek názorně ukazuje důležitý poznatek: **populace jahodníku obecného se mezi sebou liší mnohem víc v metylaci DNA než v samotné genetice**. A co víc – i **genová exprese u potomků**, pěstovaných několik generací v kontrolovaných podmínkách zahrady, stále nese „**paměť**“ **původního přírodního prostředí**.

Orig. I. Sammarco, převzato z publikace: SAMMARCO, Iris, et al. (New Phytologist, 2024, 241.4: 1621–1635). [*DNA methylation in the wild: epigenetic transgenerational inheritance can mediate adaptation in clones of wild strawberry \(Fragaria vesca\) - Sammarco - 2024 - New Phytologist - Wiley Online Library*](#)

