

**SLOVENSKÁ POĽNOHOSPODÁRSKA UNIVERZITA
V NITRE
FAKULTA AGROBIOLÓGIE A POTRAVINOVÝCH
ZDROJOV**

122230

**GENOMICKÁ ANALÝZA POTENCIÁLNYCH
MOLEKULÁRNYCH MARKÉROV LÁSKAVCA**

2011

Ivana Legátová, Bc.

**SLOVENSKÁ POĽNOHOSPODÁRSKA UNIVERZITA
V NITRE
FAKULTA AGROBIOLÓGIE A POTRAVINOVÝCH
ZDROJOV**

**GENOMICKÁ ANALÝZA POTENCIÁLNYCH
MOLEKULÁRNYCH MARKÉROV LÁSKAVCA**

Diplomová práca

Študijný program:	Udržateľné poľnohospodárstvo a rozvoj vidieka
Študijný odbor:	4140800 Všeobecné poľnohospodárstvo
Školiace pracovisko:	Katedra genetiky a šľachtenia rastlín
Školiteľ:	Ing. PaedDr. Jana Žiarovská, PhD.

Nitra 2011

Ivana Legátová, Bc.

Čestné vyhlásenie

Podpísaná Ivana Legátová vyhlasujem, že som záverečnú prácu na tému „Genomická analýza potenciálnych molekulárnych markérov láskavca“ vypracovala samostatne s použitím uvedenej literatúry.

Som si vedomá zákonných dôsledkov v prípade, ak uvedené údaje nie sú pravdivé.

V Nitre 15. apríla 2011

Ivana Legátová

Pod'akovanie

Srdečne ďakujem vedúcej diplomovej práce Ing. PaedDr. Jane Žiarovskej, PhD., za cenné odborné rady a pripomienky, trpezlivosť, ako aj za jej ústretový a profesionálny prístup počas spracovávania predloženej diplomovej práce.

Úprimne vďačím mojej rodine, priateľom, kolegom a blízkym za morálnu podporu.

V Nitre 15. apríla 2011

Ivana Legátová

Abstrakt

V diplomovej práci boli pomocou genomiky spracované poradia vybraných nukleotidov genómu Láskevca červenoklasého (*Amaranthus hypochondriacus* L.) a zistené rôzne úrovne podobnosti sekvencií DNA jednotlivých druhov genómov rastlinného pôvodu s AmA1 génom Láskevca červenoklasého (*Amaranthus hypochondriacus* L., seed protein AmA1 gene, complete cds), prístupové číslo AF491291.1 pomocou počítačových metód bioinformatiky a práce s verejne dostupnou databázou. Na dosiahnutie cieľa diplomovej práce boli použité metóda „BLAST“ a metóda „Primer designing tool“. Metódou „Primer designing tool“ boli zistené sekvencie, dĺžkové parametre PCR produktov, teplota topenia a poradie nukleotidov AmA1 génu Láskevca červenoklasého (*Amaranthus hypochondriacus* L.) pre priame a spätné prajmery. V prípade AmA1 génu pri stanovení vstupných podmienok sa percento GC pohybovalo v rozpätí 52.38 – 60 %. Výsledné prajmery s uvedenými hodnotami sú dobré. Výsledky oboch použitých metód boli vyjadrené graficky aj písomne zoradením do prehľadných tabuliek.

Kľúčové slová: genomika, Láskevec červenoklasý (*Amaranthus hypochondriacus* L.), sekvencie DNA, BLAST, prajmer

Abstract

The thesis was prepared using genomic nucleotide sequence selected Genome Amaranth (*Amaranthus hypochondriacus* L.) and found different levels of similarity of DNA sequences of the genomes of species of plant origin with AmA1 gene Amaranth (*Amaranthus hypochondriacus* L., seed protein AmA1 gene, complete cds) , accession number AF491291.1 using computational methods and bioinformatics work with publicly available database. To achieve the objective of the thesis were ingested method "BLAST " method and "Primer designing tool". Method "Primer designing tool" have been identified sequence length parameters of PCR products, melting point and nucleotide sequence of AmA1 gene Amaranth for forward and reverse primers. In the case of AmA1 gene in determining entry conditions, the percentage of GC ranged 52.38 - 60%. The resulting primers with those values are good. The results of both methods used were expressed graphically and in writing to the alignment of transparent tables.

Key words: genomics, Amaranth (*Amaranthus hypochondriacus* L.), DNA sequence, BLAST , primers

Obsah

Obsah	6
Zoznam skratiek a značiek	8
Úvod	9
1 Prehľad súčasného stavu riešenej problematiky	11
1.1 História a pôvod láskavca	12
1.2 Formy využitia a pestovanie láskavca	14
1.3 Biochemická a nutričná hodnota láskavca	18
1.4 Botanická charakteristika	20
1.5 Taxonomická charakteristika	21
1.5.1 Rad <i>Chenopodiales</i> (mrlíkotvaré)	21
1.5.2 Čeľaď <i>Amarantaceae</i> (láskavcovité)	21
1.5.3 Rod <i>Amaranthus</i> L. (láskavec)	22
1.6 Láskavec na Slovensku	24
1.7 Cytogenetika	24
1.8 Genetická rozmanitosť	24
1.9 Genetické markéry	24
1.9.1 Molekulárne markéry	26
1.10 Genomika	27
1.10.1 Bioinformatika	27
1.10.2 NCBI databáza	29
2 Cieľ práce	33
3 Metodika práce a metódy skúmania	34
4 Výsledky práce	36
4.1 Výsledky metódy „BLAST“	36
4.1.1 Genomická analýza podobnosti AmA1 génu v NCBI databáze technikou „Highly similar sequences“	36
4.1.2 Genomická analýza podobnosti AmA1 génu v NCBI databáze technikou „More dissimilar sequences“	49
4.1.3 Genomická analýza podobnosti AmA1 génu v NCBI databáze technikou „Somewhat similar sequences“	64
4.2 Genomická analýza metódou „Primer designing tool“	76

5	Záver	Error! Bookmark not defined.
6	Zoznam použitej literatúry.....	80

Thank you for trying PDF Suite

Zoznam skratiek a značiek

A - adenín (Adenine)

bp - pár báz (Base Pair)

C - cytozín (Cytosine)

DNA - deoxyribonukleová kyselina (Deoxyribonucleic Acid)

G - guanín (Guanine)

NCBI – národné centrum pre biotechnologické informácie (National Center for Biotechnology Information)

PCR - polymerázová reťazová reakcia (Polymerase Chain Reaction)

RNA - ribonukleová kyselina (Ribonucleic Acid)

SNP – analýza polymorfizmu jednotlivých nukleotidov (Single Nucleotide Polymorphism)

Tm – teplota topenia (Temperature melt)

Úvod

Práca poukazuje na skutočnosť, že láskavec (*Amaranthus L.*) je rastlina, ktorú možno využiť v mnohých smeroch a na rôzne účely. Jednou z hlavných výhod láskavca je okrem iného bohatá tvorba fyto-masy. Bol pestovaný už v časoch starých Májov a pestuje sa dodnes ako plodina na potravinové, energetické ale i na krmovinárske účely ako aj silážovanie a má tiež svoje uplatnenie v okrasnom záhradníctve a floristike. Práca ďalej uvádza botanickú a taxonomickú charakteristiku, nutričnú hodnotu a postavenie láskavca na Slovensku.

Ako vyplýva s názvu diplomová práca sa bližšie zameriava na genomickú analýzu potenciálnych molekulárnych markérov láskavca. Táto analýza bola uskutočňovaná s použitím informačných technológií prostredníctvom disciplíny zvanej bioinformatika, ktorá sa zaoberá spracovávaním dát o sekvenciách DNA.

Analyzovaný bol konkrétny gén AmA1 Láskavca červenoklasého (*Amaranthus hypochondriacus L.*), pričom boli spracované poradia vybraných nukleotidov génomu a zistené rôzne úrovne podobnosti sekvencií DNA jednotlivých druhov génomov rastlinného pôvodu so spomínaným génom.

Pomocou počítačových metód bioinformatiky a práce s verejne dostupnou databázou NCBI boli použité dve metódy. Metóda „BLAST“ a metóda „Primer designing tool“.

Výsledkom použitia metódy „BLAST“, pri zisťovaní veľmi podobných sekvencií bola preukázaná veľká podobnosť AmA1 génu Láskavca červenoklasého (*Amaranthus hypochondriacus L.*) s aglutinín génmi a mRNA Láskavca červenoklasého (*Amaranthus hypochondriacus L.*) a Láskavca chvostnatého (*Amaranthus caudatus L.*), pričom táto podobnosť sa preukázala na úrovni 98 – 100 %. Pri zisťovaní viac odlišných sekvencií bola zistená podobnosť AmA1 génu láskavca i s rubisco enzýmom špenátu. Najväčší počet sekvencií bol vygenerovaný pri použití techniky trochu podobných sekvencií, kde bola zistená malá podobnosť AmA1 génu najmä s génmi Lucerny (*Medicago L.*), Repy obyčajnej (*Beta vulgaris L.*), Ryže siatej (*Oryza sativa L.*), Špenátu siateho (*Spinacia oleracea L.*), Viniča hroznorodého (*Vitis vinifera L.*) a vyskytla sa malá podobnosť aj s génmi Malárie (*Plasmodium falciparum L.*), motýľov rodu *Bombyx L.* a akváriových rybičiek danio pásikavé. Sekvencie týchto druhov však nie sú zahrnuté v diplomovej práci, nakoľko nie sú rastlinného pôvodu.

Metódou „Primer designing tool“ boli zistené dĺžkové parametre PCR produktov, teplota topenia, jednotlivé sekvencie a poradie nukleotidov AmA1 génu Lásavca červenoklasého (*Amaranthus hypochondriacus* L.) pre priame a spätné prajmery. V prípade AmA1 génu pri stanovení vstupných podmienok sa percento GC pohybovalo v rozpätí 52.38 – 60 %.

1 Prehľad súčasného stavu riešenej problematiky

Láskavec (*Amaranthus*) patrí medzi nepravé obilniny (pseudoobilniny), ktoré boli pestované už počas existencie starých Májov, Aztékov a Inkov. V porovnaní s obilninami má láskavec vyššiu výživovú hodnotu. Obsahuje vyšší podiel bielkovín, olejov, vlákniny a škrobu, naopak neobsahuje lepok. Semená tejto rastliny obsahujú vysoký podiel proteínov v porovnaní s klasickými obilninami. V posledných rokoch rastie záujem o pestovanie tejto plodiny aj v našich geografických podmienkach a to hlavne pre semená a pre využitie ako krmivo pre hospodárske zvieratá (Pastirčák - Čičová, 2010).

Plodiny v našich zemepisných šírkach sú pestované pre sacharidy (najmä obilniny), na produkciu bielkovín (leguminózy) a ako zdroj vitamínov i ochranných látok (zelenina, ovocie). Pre láskavec je charakteristické, že ho možno zaradiť do každej z týchto skupín. Obsahom sacharidov sa vyrovná obilninám, stráviteľnosťou ich predstihuje. Obsahom bielkovín síce zaostáva za leguminózami, ich kvalitou však predstihuje sóju, dokonca i kravské mlieko. Okrem produkcie zrna alebo objemového krmiva ďalším veľmi významným smerom využitia je produkcia fytomasy na energetické účely. Vysoká výhrevnosť spaľovania fytomasy láskavca (14-21 GJ.t-1) ho priam predurčuje na pestovanie ako energetickej plodiny (Kulovaná, 2002).

V génovej banke SR v Piešťanoch v súčasnosti prebieha výskum láskavca zameraný na možnosti jeho využitia v inovácii rastlinnej výroby, v potravinárstve, ale i v energetike. Z viac ako 60 druhov je v našich podmienkach využívané na semeno *A. hypochondriacus*, *A. cruentus*, *A. caudatus*, na krmovinárske účely a na nepotravné účely najmä *A. hybridus* i *A. mantegazzianus*, ako zelenina *A. graecizans*, ako okrasná plodina *A. tricolor* alebo *A. caudatus*. Úlohou novej výskumnej úlohy je určiť vhodné odrody pre rastlinnú výrobu v daných klimatických podmienkach a otestovať novozískané odrody na pestovanie na zrna a na biomasu, podrobné štúdium a hodnotenie jednotlivých odrôd z hľadiska fenologických, morfológických a hospodárskych znakov v poľných pestovateľských podmienkach. Láskavec je jednoročná rastlina, v závislosti od druhu, odrody a podmienok dorastie do výšky 0,5 - 3,0 i viac metrov. Plodom je toľka, semeno je malé s hmotnosťou tisícich semien 0,6-1,1g zlatožltej, krémovej až bielej farby, ale i ružovej a čiernej farby. Na Slovensku poznáme láskavec predovšetkým ako burinu alebo ako okrasnú rastlinu, väčšina

burinových i okrasných druhov bola k nám zavlečená z Ameriky. Medzi druhmi ale i genotypmi rodu *Amaranthus* L. sú veľké rozdiely v habite (výška rastlín, vetvenie, výška nasadenia kvetenstva, hmotnosti semien), rozdielna citlivosť na dĺžku dňa, rozdielna tolerancia na sucho, odolnosť voči chorobám a škodcom, vyrovnanosť v dozrievaní a vypadávaní semien. Tieto vlastnosti rozhodujú o vhodnosti genotypu pre určité pestovateľské podmienky, spôsobe pestovania a spôsobe využitia. Úrody zrna láskavca sú vysoko variabilné a závisia od mnohých faktorov. Zo štúdia literárnych prameňov chorôb rodu *Amaranthus* L., láskavec napádajú tieto choroby: poruchy vzhádzania a padanie mladých rastlín spôsobujú parazitické huby rodu *Pythium*, *Rhizoctonia*, *Fusarium*, *Aphanomyces*. Tieto huby poškodzujú korene a stonky pod povrchom pôdy. Rastliny sú potom slabé, padajú a odumierajú. K napadnutiu dochádza hlavne v ťažkých zlievavých pôdach, po vytvorení pôdneho prísušku, pri nadmernom zamokrení pôdy, alebo ak pôda nie je dostatočne prehriata. K napadnutiu odrôd láskavca hubami rodu *Fusarium* dochádza najčastejšie po vzídení rastlín až do fázy vetvenia stoniek. Na konci vegetácie je možné vidieť šedé škvrny s tmavou obrubou spôsobené hubami. Rovnaké huby môžu napádať i súkvetia. Na dozrievajúcich súkvetiach sa vyskytujú v hustých porastoch huby *Botrytis* ssp., *Fusarium* spp. a *Alternaria* ssp., ktoré môžu nepriaznivo ovplyvniť kvalitu semien (Čičová, 2010).

1.1 História a pôvod láskavca

Podľa archeologických nálezov bol láskavec pestovaný pred 7 tis. rokmi v Strednej Amerike. Ako prví ho pestovali Mayovia, neskôr i Inkovia a Aztékovia, ale i niektoré kmene severoamerických indiánov. Aztékovia ho pred príchodom španielskych dobyvateľov pestovali ako najdôležitejšiu plodinu, hneď po kukurici a fazuli. Láskavec bol pre nich ako plodinou poskytujúcou zrno k obžive, tak rastlinou využívanou pri magických a mystických náboženských rituáloch. Láskavec bol taktiež hlavnou plodinou pre Inkov, dodnes sa v Andách pestuje pod menom „kiwicha“. Ďalej bol pestovaný Aztékmi, ktorí ho nazývali „huautli“ a ďalšími pôvodnými obyvateľmi Ameriky. Túto plodinu si vážili Aztékovia natoľko, že ju využívali pri mnohých obradoch pre uctievanie svojho božstva a to predovšetkým Boha Huitzlopochtli - Boh Slnka. V oblasti Mexika z neho pripravovali rituálne nápoje a potraviny. Do dnešného dňa je zrno láskavca tepelne opracované podobne ako pukance (tzv. Amaranth POP)

prípravovaný a predávaný v uliciach Mexika ako „alegrii“ (španielsky „radosť“). Popované zrná sú miešané s medom, čokoládou či sirupom. To bol tiež jeden z dôvodov, prečo bolo jeho pestovanie Španielmi zakázané. Napriek tomu, že sa pestovanie láskavca pod španielskou nadvládou skoro vytratilo, zachovalo sa na odľahlejších miestach a vo vyšších nadmorských výškach Strednej a Južnej Ameriky. V 18. storočí sa dostal ako okrasná rastlina cez európske botanické záhrady až do Ázie. V 19. storočí sa už na svahoch Himalájí pestoval ako plodina na zrná. Okrem Ázie došlo k introdukcii zrnových foriem i do niektorých oblastí Afriky (<http://amaranth.cz/historie-amarantu/2010>).

V roku 1930 zahrnul N. L. Vavilov *Amaranthus* medzi krmoviny. V roku 1984 ho Americká akadémia vied označila za plodinu 21. storočia. Archeológovia dokazujú, že v Amerike je známy viac ako 8000 rokov. Za jedno géncentrum je považované Mexiko a Andy, druhé centrum rozšírenia sú horské oblasti Indie a Nepálu (Húska, 1994).

Aj napriek náboženskému symbolizmu bolo používanie láskavca počas rôznych obradov takmer celkovo vykorenené (Williams - Bernner, 1995). Od šestnásteho storočia bolo pestovanie láskavca na úpadku, a to pravdepodobne v dôsledku potlačania aztéckych zvyklostí a náboženstva (Flores - Teutonico, 1986, Brenner et al., 2000).

Pestovanie a využívanie láskavca na semeno sa zachovalo v niektorých oblastiach Mexika, centrálnej a Južnej Ameriky. Po invázii Španielov do Latinskej Ameriky bol láskavec rozšírený aj do Európy, neskôr do Afriky a Ázie. V Európe sa láskavec rozšíril najmä ako korenina, neskôr boli vyšľachtené okrasné genotypy, a následne boli rozšírené do Indie a Nepálu (Flores - Teutonico, 1986).

Až od polovice 20. storočia bola India jednou krajinou so vzrastajúcou produkciou láskavca. Dôkazy o kvalite bielkovín spustili obnovenie záujmu o láskavec. Za posledných dvadsať rokov sa získalo mnoho poznatkov o nutričnej kvalite, ako aj o požiadavkách na pestovanie. Boli vyšľachtené odrody so zlepšenými vlastnosťami, hoci v oblasti šľachtenia láskavca je stále potrebné ďalšie štúdium (Brenner et al., 2000).

1.2 Formy využitia a pestovanie láskavca

V semenách i listoch obsahuje láskavec vitamíny a minerály, možno ho využívať ako zeleninu popr. ako ovocie. Z toho vyplývajú mimoriadne široké možnosti využitia. Listy sa dajú využívať na prípravu vitamínových, bielkovinových extraktov, farbív i farmaceutík a pod. Zo semien možno pripraviť polievku, rozličné nápoje, kašu, pukance, posúchy, palacinky, prípravky do najrozličnejších pekárenských a cukrovinkárskych výrobkov. Byle, vegetatívnu fytomasu možno skrmovať hospodárskymi zvieratami alebo využívať na energetické účely ako palivo, popr. ako surovinu na spracovanie v priemysle (Jamriška, 2001).

Láskavec sa používa ako potravina, zelenina, na zelené kŕmenie, silážovanie, energetická plodina, okrasná rastlina a výrobu granúl. Z hľadiska poľnohospodárskeho je láskavec plodina s rýchlym rastom, dáva vysoké úrody - približne 3 tony semena na hektár za 3 - 4 mesiace rastu v monokultúre a 4 - 5 ton na hektár suchej hmoty po 4 týždňoch. Jednou z možností využitia láskavca je jeho využitie ako objemovej krmoviny pre vysokú produkciu kvalitnej fytomasy. Kvalita krmu láskavca sa často porovnáva s kvalitou krmu d'atelinovín (<http://krv.fapz.uniag.sk/plodiny/laskavec%20-%20Amaranthus.pdf>.2010).

Mnohostrannosť využitia láskavca dáva podnet na skúmanie a výber genetických zdrojov vhodných do pestovateľských podmienok strednej Európy. Introdukcia niektorých alochtónnych druhov do agroekologických podmienok Slovenska je nedoriešená v súvislosti s problémom ich zaradenia, resp. nezaradenia medzi invázne druhy, alebo „karanténne buriny“. V rámci reštrukturalizácie rastlinnej výroby na Slovensku, kde je potrebné riešiť využitie menej úrodných pôd láskavec predstavuje alternatívnu plodinu s vysokou nutričnou hodnotou a špecifickým využitím. Je to introdukovaný druh plodiny s vysokou hydrostabilitou a relatívne dobrou odolnosťou voči chorobám a škodcom. Technológiu pestovania láskavca je však nutné v našich podmienkach overiť a z hľadiska rôznych smerov jeho využitia aj upresniť. Od roku 1994 sú na Experimentálnej báze Agronomickej fakulty Slovenskej poľnohospodárskej univerzity v Nitre zakladané poľné polyfaktoriálne pokusy so zrnovým typom láskavca (*A. hypochondriacus*) s cieľom sledovať niektoré články agrotechniky vo vzťahu k úrode zrna v podmienkach kukuričnej výrobnjej oblasti. Výsledky projektov „Adaptabilita pestovania a využitia láskavca na Slovensku“ a „Prehĺbenie teoretických poznatkov o pestovaní a využití láskavca na Slovensku“

(vedúci projektov bol doc. Ing. J. Húska, CSc.) (Kulovaná, 2002, http://www.agroweb.cz/Moznosti-efektivnej-vyroby-a-vyuzitia-laskavca__s44x8513.html).

Habán – Illéš (2001) uvádzajú súčasné a perspektívne možnosti využitia laskavca:

1. pseudocereália,
2. energetická a technická rastlina,
3. krmovina,
4. zdroj prírodného farbiva,
5. zdroj bielkovín oleja, škrobu a dietetickej vlákniny,
6. zelenina,
7. okrasná rastlina,
8. rastlina s liečivými účinkami.

Pestovanie laskavca na semeno

Laskavec na semeno možno u nás pestovať najmä v kukuričnej a repnej oblasti, genotypy s kratšou vegetačnou dobou i v teplejšej zemiakovej oblasti. Určitú orientáciu v tomto smere môže poskytnúť areál výskytu *A. retroflexus*. Vyhýbať sa treba ťažkým zlievavým, studeným pôdam a pozemkom s rezíduami herbicídov proti laskavcu. Nevhodné sú i svahové pozemky s rizikom erózie odplavenia plytko zasiatych malých semien. Uprednostňovať treba ľahšie až stredné pôdy. Jeho pestovanie môže byť nutritívnym a podnikateľským prínosom. Možno ho pestovať tak v extenzívnych (bioprodukt) ako intenzívnych podmienkach. Na úrodu semena najviac vplývajú poveternostné podmienky (úrody od 0,75 do 5,9 t.ha⁻¹). Dôležitou je najmä suma teplôt od sejby po vzídenie. Najistejším termínom sejby je obdobie prvej dekády mája. Najvhodnejšou je sejba na medziriadkovú vzdialenosť 0,125 m. Kritické obdobie na buriny je od vzídenia po vytvorenie deviateho páru listov. Porast s užšími medziriadkami bol odolnejší aj proti burinám. Zaburinenosť znižuje najviac podiel listov i úrodu semena (podstatne menej ako pri kukurici). V úrodnejšom roku býva vplyv zaburinenosti podstatne menší (Jamriška, 2001).

Pestovanie laskavca ako objemovej krmoviny prípadne listovej zeleniny

Z doterajších výskumov vyplýva, že ide o plodinu s vysokým obsahom minerálnych prvkov a nízkym obsahom vlákniny. Z hľadiska kvality krmu sa ukázalo, že najmä v obsahu minerálnych látok laskavec prekonáva i najdôležitejšiu viacročnú

krmovinu – lucernu siatu. Najmä mladé rastlinky sa vyznačujú vysokým obsahom betakaroténu, železa, vápnika a vitamínov. Pri jeho pestovaní, ako objemovej krmoviny sa získali nasledovné výsledky: Láskavec *A. mantegazzianus* pestovaný v slede po ozimnej medziplodine tritikále poskytol v priemere pokusných rokov úrodu nadzemnej fytomasy 6,77 t.ha⁻¹, laskavec *A. hypochondriacus* siaty do voľnej pôdy na jar priemernú úrodu 8,36 t.ha⁻¹ sušiny. V morfológickom zložení úrody prevažovali u *A. mantegazzianus* vegetatívne orgány (listy a stonky), u *A. hypochondriacus* súkvetia. Nezistili sa podstatné diferencie medzi *A. mantegazzianus* a *A. hypochondriacus* v obsahu minerálnych prvkov. *A. hypochondriacus* mal vyšší priemerný obsah N-látok a tukov. Obidva druhy sa vyznačovali vysokým obsahom minerálnych prvkov a nízkym obsahom vlákniny. V obsahu P, Mg a K laskavec prevyšoval lucernu siatu v rovnakých pôdno-klimatických podmienkach. Mal nižší priemerný obsah N- látok, Ca a vlákniny (Gregorová, 2001).

Pestovanie laskavca na energetické účely

Okrem produkcie zrna alebo objemového krmiva ďalším veľmi významným smerom využitia je produkcia fytomasy na energetické účely. Vysoká výhrevnosť spaľovania fytomasy laskavca (14-21 GJ.t⁻¹) ho priam predurčuje na pestovanie ako energetickej plodiny. Prepočty jednotlivých vstupov priamej a nepriamej dodatkovej energie do pestovateľských technológií jednotlivých smerov, poukazujú na skutočnosť, že najvyššie energomateriálové vstupy boli práve vložené do pestovania *Amaranthusu* na produkciu fytomasy. Rozhodujúcu položku z energetických vkladov tu predstavujú dusíkaté hnojivá (110 kg.ha⁻¹) nutné pre získanie dostatočného množstva fytomasy. Pri dostatočne vysokej produkcii sušiny z 1 ha boli však dodatočné energetické vklady využité práve pri tomto úžitkovom pestovateľskom smere v podstate najefektívnejšie (1:13,08). Na potvrdenie uvedených skutočností boli založené špeciálne výživárske pokusy s intenzívnym hnojením laskavca dusíkom (0-120 kg.N.ha⁻¹). Na základe priebežných výsledkov možno konštatovať, že zvýšené dávky dusíkatého hnojenia výrazne ovplyvňujú počet listov na rastline laskavca. Rastliny si udržiavajú pomerne vysoký počet listov počas vegetácie, ale hlavne vplyvom vyšších dávok hnojenia aj do konca vegetácie. Sušina listov sa počas vegetácie zvyšuje, hnojenie vysoko preukazne vplýva na fyziologické ukazovatele rastlín. Index listovej pokrývnosti je najvyšší na variante s jednorazovou dávkou dusíkatého hnojenia (Illéš – Habán - Horvát, 2001).

Využitie láskavca v okrasnom záhradníctve

Pre účely kvetinárskeho využitia slúži metlinovité súkvetie, ktoré nachádza uplatnenie v čerstvom i sušenom stave. Grécky názov „amarginein“ – nevädnucci, možno privlastniť súkvetiu, ktoré vo váze vydrží veľmi dlho. Nemenej významné miesto má tiež aj ako záhonová letnička alebo letnička vysádzaná do mobilnej zelene. Pri hodnotení druhov, ktoré si v okrasnom záhradníctve zaslúžia pozornosť, sme využili druhový sortiment, ktorý je najflexibilnejší, obsahuje vysokú estetickú hodnotu pre všetky spôsoby využitia. Takého postavenie majú nami sledované druhy: *A. caudatus* L. – láskavec chvostnatý, dorastajúci do výšky 0,80-1,00 m, s bohatým rozkonárením, s kvetmi nakopenými v previslých metlinách, chvostovitého vzhľadu, vo výraznej červeno-purpurovej farbe, alebo svetlozelenej či zlatej farbe, podľa kultivarov (krížencov). *A. cruentus* L. var. *paniculatus* Boom. – láskavec metlinatý s výrazne vyfarbenými zelenými, červeno-purpurovými (bordovými) listami. *A. hypochondriacus* L. – vyznačujúci sa vzpriameným vzrastom, je vhodný k záhonovým výsadbám, ale aj na sušenie. *A. tricolor* L. láskavec trojfarebný, je nižší v porovnaní s predchádzajúcimi druhmi, v našich podmienkach dorastá do výšky 0,50-0,60 m. Dvojfarebný listový efekt (zeleno-purpurovo-červený) ho posunul k veľmi obľúbeným druhom pri záhradných výsadbách. *A. cristatus* NORONHA – teraz je jeho názov: *Celosia cristata* L. – plameník hrebenitý, má kvety purpurové, niekedy ružové, oranžové i červené a žlté. Pestuje sa pod menom kohútí hrebienok“. Ešte sa pestuje *Celosia argentea* L., ktorá je veľmi variabilná (podlieha veľkej premene farieb). Variabilita bola pozorovaná na celej rastline, ale najmä v súkvetí. Svojou pestovateľskou nenáročnosťou môžeme uvedené druhy láskavca využiť v okrasnom záhradníctve predovšetkým do záhonových výsadiel, kde kvitnúci efekt prichádza do obdobia od júla do októbra, respektíve až do príchodu jesenných mrazov. Sledované druhy sa osvedčili aj v mobilnej zeleni, kde pôsobili veľmi dekoračne. Samostatná pozornosť bola venovaná uplatneniu druhu *A. caudatus*, *A. hypochondriacus* s využitím vo floristike v čerstvom a sušenom stave. Súčasná moderná avantgardná väzba domácich a zahraničných floristov veľmi často využíva bizarnosť „dlhochvostého“ súkvetia (t.j. metlina zložená zo strapcov klbiek) k vytváraniu atraktívnych kytíc alebo príležitostných priestorových aranžmán k získaniu žiadaného tvarového a farebného efektu. K uvedeným floristickým zámerom sú využívané súkvetia v čerstvom stave, kde si podržia nevädnucci efekt pomerne dlho. V neposlednej miere je využívanie súkvetia aj v sušenom stave. Samotné sušenie musí byť zabezpečené v tieni, súkvetie

na stonkách, zbavené listov a listeňov. Už mierne slnko pôsobí na zmenu farby, ktorá sa rýchle mení na hnedú nevýraznú farbu (Jakabová - Žajová, 2001).

1.3 Biochemická a nutričná hodnota láskavca

Láskavec má vysokú nutričnú hodnotu semien aj lisov. Je považovaný za jednu z najvýživnejších rastlín na svete. Múka láskavca má charakteristickú korenitú a mierne štipľavú chuť. V porovnaní s ostatnými obilninami (8 - 14%) má oveľa vyšší obsah bielkovín (18%) a vyváženú skladbu aminokyselín. Za nepriaznivú vlastnosť tejto obilniny možno považovať vysoký obsah tukov (7 - 8% v sušine). Obsah vlákniny je tiež pomerne vysoký (4,5 - 5% v sušine), čo je z hľadiska výživy vyhovujúce. Celozrnná múka z láskavca má v porovnaní s pšenicou vysoký obsah vápnika, draslíka, fosforu a horčíka. Zo stopových prvkov vyniká najmä vyšším obsahom železa. Z esenciálnych aminokyselín je zastúpený relatívne vo vysokom množstve lyzín (9,48g/kg), čo je približne trojnásobok oproti pšeničnej hladkej múke. Podiel esenciálnych aminokyselín v pšeničnej múke je 26,34 g/kg, kým v a celozrnej múke z láskavca je to až 43,23 g/kg. Zo zloženia mastných kyselín je evidentný vyšší obsah kyseliny linolovej (50,08 %). Nutrične vyvážené zloženie láskavca mu dáva predpoklad k lepšiemu využitiu v cereálnych technológiách. Stále častejším používaním chemických prípravkov v poľnohospodárstve a kontamináciou pôd z chemickej výroby vznikol problém kumulácie ťažkých kovov v rastlinných produktoch. Láskavec patrí práve k takým plodinám, ktoré majú schopnosť vo zvýšenej miere hromadiť ťažké kovy. V porovnaní napr. s hlávkovým šalátom, ktorý bol pestovaný na tej istej zemine za tých istých podmienok, láskavec akumuloval až 103 - násobne viac olova, 240 - násobne viac kadmia a 5,9 - násobne viac ortuti (<http://www.potravinari.sk/page/979sk.html>.2010).

Chemické zloženie biomasy

Výsledky trojročných pokusov na zistenie množstva a kvality bielkovín semien láskavca potvrdzujú údaje z doteraz publikovanej svetovej a domácej literatúry. Z hľadiska nutričného má veľký význam vysoký obsah proteínu, viac ako u obilnín, kukurice a ryže (Sanchez - Maroquin, 1980). Približne 2% z proteínu pripadá na lecitín, ktorý výrazne podporuje biologickú aktivitu rastlín (Lis and Sharon, 1986). Obsah bielkovín je relatívne vysoký a v porovnaní s inými obilninami a pseudoobilninami

vyšší. Kolíše od 14,48% do 17,58%, priemerná hodnota je 16%. Podľa doterajších údajov z literatúry má frakcia albumínov, globulínov a nebielkovinového dusíka predstavovať 66% zo sumy bielkovín v suchej mase, frakcia prolaminov asi 0,7%, glutelíny približne 30% a nerozpustná frakcia /zvyšok/ maximálne 6%. Obsah škrobu sa pohybuje od 53% do 65%, v priemere dosahuje 60%. Obsah vlákniny sa pohybuje od 2,89% do 6,94%, v priemere je to 4,4%. Ako je už známe z literatúry, laskavec obsahuje asi 3% minerálnych látok v sušine. Pritom ale nie sú známe hodnoty stopových prvkov a ťažkých kovov, prekračujúce normami povolené horné hranice. Obsah popola v semenách štyroch druhov laskavca zo sledovaného trojročného obdobia kolíše okolo hodnoty 4,5%. Je to asi o 1% viac, ako uvádza literatúra. Laskavec sa od iných obilnín a pseudoobilnín líši vysokým obsahom najmä draslíka, vápnika, horčíka a železa. Z doteraz publikovaných prác o obsahu tuku v semenách laskavca bolo známe jeho množstvo 4-10%. S týmto korešpondujú aj výsledky trojročných pokusov. V zhode je aj najmenšie množstvo tuku v semenách tmavého druhu *A. paniculatus* (Čuková – Muchová, 1997).

Nutričná kvalita laskavca

Kvalitatívne chemické zloženie zŕn laskavca je pre všetky druhy typické, ale absolútna kvantitatívna hodnota v závislosti na rade podmienok môže byť variabilná. Listy laskavca obsahujú proteíny s výhodným zložením esenciálnych aminokyselín, sú bohaté na zložku minerálnu a najmä na antioxidačný vitamín C a betakarotén. Významná je i prítomnosť vysokého podielu esenciálnej mastnej kyseliny linolénovej v tukovej zložke chloroplastov a obsah squalénu.

1. Proteíny

V zrnách laskavca je obsah proteínov vyšší v porovnaní s proteínmi bežných cereálií a v tomto porovnaní majú tiež vyváženejšie zloženie esenciálnych aminokyselín. Vyšší obsah lyzínu a tryptofánu je komparabilný s bielkovinami živočíšnymi. Až 65% proteínov v laskavci je koncentrovaných v klíčkoch. Obsah proteínov kolíše podľa druhov laskavca a podmienok ich kultivácie.

2. Cukry (sacharidy, uhl'ohydráty)

V zrnách laskavca sú jednoduché monosacharidy (glukóza, fruktóza) obsiahnuté len v stopách, oligosacharidy (maltóza, stachóza, rafinóza, sacharóza) v rozmedzí 1 až 2%. V škrobe laskavca je dominantný amylopektín. Malý rozmer čiastočiek škrobu laskavca s nízkym obsahom amylyózy ovplyvňuje jeho fyzikálno-chemické vlastnosti.

3. Vlákna v semenách

Vlákninou rozumieme nestráviteľné zbytky rastlinného pôvodu. Semená laskavca sú na vlákninu bohatšie ako ostatné obilniny (pšenica, jačmeň, raž, ryža, kukurica).

4. Tuky v semenách

Tuková časť v zrnách laskavca je koncentrovaná v jeho klíčku. U bielosemenných druhov dosahuje 6 až 9%, u tmavosemenných je vyšší. Obsah squalénu 4,8%.

5. Minerály

Semená laskavca obsahujú až 85% zo všetkých nutrične definovaných minerálnych makroelementov (sodík, draslík, vápnik, fosfor, horčík, síra) a 50% mikroelementov (zinok, meď, mangán, železo). Zo stopových prvkov bol preukázaný kremík a nikel. V porovnaní s pšenicou, ovsom, ryžou, kukuricou a sójou sú semená laskavca lepším zdrojom vápniku, železa a sodíku, obsahom horčíku, fosforu, zinku sa im podobajú. V porovnaní s obilninami celkový obsah minerálov majú zrna laskavca vyšší.

6. Vitamíny v zrnách a listoch

Laskavcové zrná obsahujú rad vitamínov. V zrnách sú vitamíny koncentrované najmä v klíčku, nutrične je tu významný v porovnaní s ostatnými obilninami vyšší obsah vitamínov B2 a niacínu, menej je vitamínu B1 a vitamínu C (3 až 4 mg/100 g). Betakarotén tu nenachádzame. Nutrične významný je i obsah vitamínu E (alfa-tokoferol) a tokotrienol. Zvláštny nutričný význam má prítomnosť antioxidantných vitamínov v semenách (vitamín E) (<http://amaranth.cz/nutricni-kvalita-amarantu/2010>).

1.4 Botanická charakteristika

Stonky sú priame, okrúhle, slabo alebo silne rozvetvené, olistené, vysoké 1,3 - 3 m. **Súkvetie** je zložitá metlina purpurovej alebo zeleno-žltej farby. **Listy** sú elipsovité, mladé sa používajú aj ako zelenina. Obsahujú veľa Ca, Fe a vitamínu E. **Koreňový systém** má zvláštnu morfológiu, dobre čerpá vodu z pôdy a tým táto plodina lepšie odoláva suchu. Suchovzdornosť znásobuje i značná hrúbka stonky, ktorá slúži ako zásobáreň vody počas vegetácie. **Plod** je tobolka vajcovitého tvaru farby žltej alebo čiernej (křmne formy). Hmotnosť 1000 semien sa pohybuje od 0,7 - 0,9 g. Z 1 ha

sa urodí 3 - 5 t. Celková úroda zelenej fytomasy sa pohybuje od 80 - 100 t aj viac z hektára (<http://krv.fapz.uniag.sk/plodiny/laskavec%20-%20Amaranthus.pdf>.2010).

1.5 Taxonomická charakteristika

Ríša – Ríša rastlín (*Regum vegetabile*)

Podríša – Vyššie rastliny (*Telomophyta*)

Oddelenie – Rastliny semenné (*Spermatophyta*)

Pododdelenie – Rastliny krytosemenné (*Angiospermatophytina*)

Trieda – Magnóliokveté (*Magnoliopsida*)

Rad – Mrlíkotvaré (*Chenopodiales*)

Čeľaď – Láskavcovité (*Amarantaceae*)

Rod – Láskavec (*Amaranthus* L.) (Štefúnová, 2008)

1.5.1 Rad *Chenopodiales* (mrlíkotvaré)

Sú to jedno- alebo dvojročné, príp. trváce byliny (zriedkavejšie kry alebo stromy) s jednoduchými, striedavými alebo križmo protistojnými listami bez palískov. Ich kvety sú haplochlamydeické, päťpočetné, s epipetálnymi tyčinkami a parakarpným gyneceom (<http://www.tuzvo.sk/files/LF-KF/2010>).

1.5.2 Čeľaď *Amarantaceae* (láskavcovité)

Sú to jednoročné, zriedkavejšie trváce byliny, príp. dreviny so striedavými alebo protistojnými listami bez palískov, s poliehavou alebo priamou byľou, často s fialovým nádychom. Kvety sú obojpohlavné alebo jednopohlavné, cyklické, sú drobné a zoskupené do dichaziálnych zväzočkov, ktoré tvoria klasy, metliny alebo strapce. Okvetné lístky sú obyčajne kožovité, blanité a suché, niekedy zrastené a zafarbené. Tyčinky sú epitepálne, svojimi bázami sú zvyčajne zrastené do pohárikovitého alebo rúrkovitého útvaru. Ich počet sa zhoduje s počtom okvetných lístkov. Medzi tyčinkami sú útvary stipulárneho pôvodu (pseudostaminódiá). Gyneceum sa skladá z 2–3 plodolistov, semenník je vrchný, jednopuzdrový, plodom je tobolka, nažka alebo bobuľa. Od príbuzných mrlíkovitých sa líšia suchými blanitými listencami a okvetnými lístkami, ako aj zrastením tyčinkových nitiek a častým výskytom pseudostaminódií.

Väčšinou sú to tropické alebo subtropické rastliny, iba zriedkavejšie ide o rastliny mierneho klimatického pásma (<http://www.tuzvo.sk/files/LF-KF/2010>).

1.5.3 Rod *Amaranthus* L. (láskavec)

Rod *Amaranthus* L. je významný aj pre jeho veľkú adaptabilitu ako rastliny C 4 (Bagga et al 1987, Gudu and Gupta 1986).

Stonky sú priame, okrúhle, slabo alebo silne rozvetvené, olistené, vysoké 1,3-3 m. Súkvetie je zložitá metlina purpurovej alebo zeleno-žltej farby. Listy sú elipsovité, mladé sa používajú aj ako zelenina. Obsahuje veľa Ca, Fe a vitamínu E. Koreňový systém má zvláštnu morfológiu, vďaka ktorej lepšie čerpá vodu z pôdy a tým táto plodina lepšie odoláva suchu. Túto vlastnosť znásobuje i značná hrúbka stonky, ktorá slúži ako zásobáreň vody. Plod je tobolka vajcovitého tvaru farby žltej alebo čiernej /kŕmne formy/. Hmotnosť 1000 semien sa pohybuje od 0,7 - 0,9 g. Z 1 ha sa urodí 3-5 t. Celková úroda biomasy sa pohybuje od 80-100 t z hektára, t.j. raz toľko ako pri silážnej kukurici. Používa sa na zelené kŕmenie, silážovanie a výrobu granúl. *Amaranthus* L. je v našich podmienkach dvojkosný (Húska, 1994).

Variabilita

Rod láskavec (*Amaranthus* L.) zahŕňa okolo 60 druhov s veľkou rozmanitosťou. Okrem burinných druhov nadobúdajú v súčasnosti veľký hospodársky význam skultúrne druhy a formy, ktoré sa podľa použitia rozdeľujú na:

zeleninové druhy – láskavec trojfarebný (*A. tricolor*), láskavec metlinatý (*A. cruentus*), láskavec štíhly (*A. gracillis*), láskavec trnitosý (*A. spinosus*), láskavec pochybný (*A. dubius*), ktoré sú obsahom stráviteľných látok porovnávané s tradičnými listovými zeleninami.

semenné druhy – láskavec smutný (*A. hypochondriacus*), láskavec chvostnatý (*A. caudatus*), láskavec hybridný (*A. hybridus*), ktoré sú perspektívne využiteľné ako pseudocereálie, čiže ich semená majú vlastnosti zŕn obilnín napriek tomu, že botanicky nie sú príbuzné.

krmovinové druhy – *A. mantegazzianum* cv. *Elbrus*, ktoré sa využívajú na kŕmne účely pre priaznivý obsah biologicky hodnotných látok (Habán, 1999).

Jamriška (1998) uvádza rozdelenie genotypov laskavca podľa vzrastu:

A1 – zrnový typ

A2 – zrnovo-kfmmny typ

A3 – zrnovo-kfmmno-ozdobný typ

A4 – kfmmny typ (silná byl' a olistenie)

Na základe doterajších poznatkov semenné genotypy laskavca sú zaradené do týchto hlavných skupín:

Mexický zrnový typ. Je z druhov *A. cruentus* a je najzákladnejším zrnovým typom v Mexiku a USA. Tento zrnový typ je najskôr dozrievajúci a má najmenší vzrast zo všetkých bielosemenných zrnových typov. Pri vysokej hustote, hlavná stonka je relatívne tenká a rastlina je nevetvená. Vzrast je pomerne vysoký.

Africký zrnový typ. Tento malý, tmavosemenný typ *A. cruentus* je pestovaný ako zelenina v západnej Afrike. Aj keď nie je potenciálne vhodný na produkciu zrna, môže byť dôležitým rodičom pre prenos vlastností skorého dozrievania a vysokých úrod.

Mercado zrnový typ. Má tiež pôvod v Mexiku, ale je z druhov *A. hypochondriacus*. Rastliny dorastajú do výšky až osem stôp, čo sťažuje mechanizovaný zber úrody. Semená sú veľké biele, alebo zlatisto zafarbené. Pomaly dozrieva, úrody sú kolísavé.

Aztécky zrnový typ. Tento typ *A. hypochondriacus* má pôvod v strednom Mexiku. Agronomická charakteristika je podobná Mercado. Aj keď je to dlhodenná rastlina, zakladanie súkvetí je príliš neskoré na to, aby semeno dozrelo.

Nepálsky zrnový typ. Tento typ *A. hypochondriacus* je pôvodom z Nepálu. Je veľmi podobný Aztéckym zrnovým typom z Mexika. Ale jeho použitie je limitované južnými šírkami USA, alebo ako rodič pri krížení.

Prima zrnový typ. Pochádza z hybridných druhov. Je to dôležitý zdroj zárodočnej plazmy pri krížení na agronomicky významné vlastnosti ako skoré dozrievanie, nízky vzrast rastlín a vysychanie v čase zrelosti semien (Kulovaná, 2002, http://www.agroweb.cz/Moznosti-efektivnej-vyroby-a-vyuzitia-laskavca__s44x8513.html).

1.6 Láskavec na Slovensku

Pestovateľské plochy laskavca sa na Slovensku rozširujú a prechádzajú z pokusných polí na väčšie pestovateľské plochy s výmerou niekoľko hektárov. Je to podnecované menšími nárokmi laskavca na kvalitu pôdy a schopnosť znášať sucho. V neposlednej miere tu rozhodujú aj ekonomické kritériá trhovej realizácie zrna a osiva laskavca. *Amaranthus* je v našich podmienkach dvojkosný. Pri prvom zbere treba ponechať vyššie strnisko. Dozrievanie semena je nerovnomerné. Problematickou stránkou naďalej zostáva zber, nakoľko rastliny vegetujú až do príchodu prvých jesenných mrazov. Zber a výmlat rastlín v zelenom stave naráža na problémy technického charakteru, ale po stránke biologickej je zrelosť zrna vyhovujúca (<http://krv.fapz.uniag.sk/plodiny/laskavec%20-%20Amaranthus.pdf>).

1.7 Cytogenetika

Pre mnoho druhov rodu laskavec je základným počtom chromozómov $n = 16$ alebo $n = 17$. Jediným neobvyklým druhom tohto rodu je laskavec pochybný, ktorý má základný počet chromozómov $n = 32$ (Grant, 1959). Laskavce, využívané na semeno, charakterizuje Brenner et al. (2000) ako paleo-alloteraploidy.

1.8 Genetická rozmanitosť

Genetická rozmanitosť je vo všeobecnosti definovaná ako množstvo genotypovej rozmanitosti v populácii, alebo počet odlišných alel v lókuse a výskyt lókusov s viac ako jednou alelou v rámci druhu alebo populácie. Poznanie genetickej rozmanitosti a genetických príbuzenských vzťahov v rámci biologického materiálu je vhodným nástrojom pre šľachtiteľské ciele. V súčasnosti je dostupných mnoho metód pre analýzu genetickej rozmanitosti v zbierkach genofondov rastlín (El-Itriby, 2007).

1.9 Genetické markéry

Genetický markér je známa sekvencia DNA, ktorá môže byť jednoducho identifikovaná. Jedná sa o určitý druh variácie, zapríčinený či zmenou alebo mutáciou pôvodnej sekvencie, sledovaný na určitom mieste. Môže ním byť krátka sekvencia

DNA, napríklad úsek DNA so zmeneným jedným párom báz (SNP markér) (http://cs.wikipedia.org/wiki/Genetick%C3%BD_marker, 2010).

Typy genetických markérov sú napr.:

- RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism)
- AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)
- RAPD (Random Amplification of Polymorphic DNA)
- VNTR (Variable Number of Tandem Repeat)
- SNP (Single Nucleotide Polymorphism)
- STR (Short Tandem Repeat) (Weising et al, 2005).

Využitie genetických markérov

Vo všeobecnosti genetické markéry možno využiť k pozorovaniu dedičných chorôb a k hľadaniu príčin takýchto ochorení. Markéry môžu pomôcť stanoviť presnosť prenosu dedičnej informácie génu, ktorý doposiaľ ešte nebol presne lokalizovaný. To dokazuje aj skutočnosť, že úseky DNA ležiace blízko seba na chromozóme sa prenášajú na potomstvo spoločne. Genetické markéry sa vo výskume a v šľachtení stali obľúbeným nástrojom. Pred technológiou molekulárnych markérov, umožňujúcou sledovanie zmien na úrovni jednotlivých nukleotidov, boli využívané morfológické a biochemické markéry (Koebner et al., 1994).

Zameranie využitia genetických markérov:

- *Populačná genetika*
- *Fylogenéza a evolučné vzťahy*
- *Analýza populácií*
- *Genómové mapovanie*

Genetické markéry sú znaky, u ktorých z ich fenotypového prejavu analýzy izoenzýmov je možné odvodiť ich genotyp. Ide o znaky fenotypové, neovplyvnené prostredím, prakticky úplne kontrolované geneticky. Z hľadiska hodnotenia genetickej fluktuácie sú najdôležitejšou podskupinou genetických markérov tzv. génové markéry. Tieto majú jednoduchú genetickú kontrolu (malý počet génov, v ideálnom prípade len jeden), ktorú je možné metódami genetickej analýzy určiť, čo znamená, že ku každému fenotypu sa môže jednoznačne priradiť genotyp (Rafayová, 2010).

Podľa charakteru možno genetické markéry klasifikovať na:

- *morfologické*
- *biochemické*
- *sekundárne metabolity*
- *izoenzýmy*
- *molekulárne*
- *založené na reštrikčných fragmentoch*
- *založené na amplifikácii PCR*
- *markérmi podporované šľachtenie*
- *porovnávacie mapovanie*

(<http://dendrome.ucdavis.edu/Meetings/GW/eht.pdf>, 2002)

1.9.1 Molekulárne markéry

Génové inžinierstvo umožňuje využívať pre charakterizáciu genomov jednotlivých odrôd kultúrnych rastlín, hospodárskych zvierat i pre získanie individuálneho profilu jednotlivých osôb molekulárne znaky DNA (Ondřej - Drobník, 2002). Pomocou DNA markérov možno jednoduchšie detekovať rozdiely v genetickej informácii, ktorou sledovaní jedinci nesú. Pôvodne boli ako molekulárne markéry používané najmä bielkoviny a ich rôzne varianty, tzv. izoenzýmy. V súčasnosti sa však využívajú najčastejšie DNA markéry, ktoré sú oproti izoenzýmom variabilnejšie a môžu charakterizovať celý genóm (Řepková - Relichová, 2001).

Tieto sekvencie majú rozličné funkcie a význam. Je preukázané, že v priemere 50% lokusov rastlinných druhov je polymorfných (Chloupek, 1995).

Využívanie molekulárnych markérov v praxi znamená, že netreba hodnotiť ťažko hodnotiteľný znak, ale je možno si vybrať molekulárny znak, ktorý sa na chromozóme nachádza veľmi blízko génu pre odolnosť k hubovému ochoreniu. V potomstvách je potom možno presne sledovať prenos tohto molekulárneho znaku (na základe sondy DNA) v zastúpení nepresne sledovateľného znaku (odolnosti na hubové ochorenie). Je to podstatné upresnenie a zvýšenie možností využitia väzbových máp kultúrnych rastlín. Molekulárne mapovanie umožňuje podstatne urýchliť proces šľachtenia (Ondřej - Drobník, 2002).

1.10 Genomika

Genomika je relatívne nový, biologický odbor, ktorého úlohou je štúdium genómu (genetická informácia zakódovaná v DNA) jednotlivých organizmov. Na rozdiel od genetických oborov má za úlohu porozumieť vlastnostiam študovaného genómu v celku. Genomika sa zaoberá predovšetkým štúdiom komplexných ochorení, u ktorých sa predpokladá účasť väčšieho počtu génov a faktorov životného prostredia, napr.: astma, kardiovaskulárne či nádorové ochorenia. Medzi hlavné nástroje používané genomikou patrí bioinformatika, genetická analýza, sledovanie génovej expresie a štúdium funkcie génov (<http://www.szu.cz/tema/genetika>, 2010).

Cieľom genomiky je stanoviť úplnú dedičnú informáciu organizmov a interpretovať ju v termínoch životných pochodov. Niekedy sa genomika rozdeľuje na tzv. štrukturálnu genomiku, spočívajúcu v stanovení sledu nukleotidov genómu organizmu, na bioinformatiku, ktorá počítačovými metódami a prácou v databázach interpretuje prečítanú dedičnú informáciu a na funkčnú genomiku, kde sa experimentom, napríklad vyradením nejakého génu z činnosti, snažíme priradiť funkciu neznámym génom, prípadne študovať funkciu génov (Pačes, 2000).

1.10.1 Bioinformatika

Bioinformatiku možno v širšom zmysle slova chápať ako akékoľvek použitie výpočtovej techniky pri riešení biologických problémov. U užšom zmysle slova je bioinformatika spájaná iba s vývojom softvéru na automatizovanú analýzu biologických dát. V roku 2000 zverejnil Národný inštitút zdravia USA (NIH) tzv. pracovnú verziu definície bioinformatiky a počítačovej biológie podľa ktorej: bioinformatika zahŕňa výskum, vývoj a aplikáciu výpočtových nástrojov a prístupov vedúcich k rozširovaniu využitia dát z oblasti biologických, medicínskych, behaviorálnych vied a zdravotníctva; vrátane nástrojov a prístupov slúžiacich na získavanie, uchovávanie, organizáciu, archiváciu, analýzu a vizualizáciu takýchto dát.

Vo všeobecnosti však môžeme definovať tri hlavné úlohy bioinformatiky:

1. Tvorba a správa databáz biologických dát rôzneho charakteru (DNA, RNA alebo proteínové sekvencie, proteínové štruktúry, génové expresné profily, atď.)
2. Tvorba algoritmov a matematických modelov určených na analýzu biologických dát

-
3. Aplikácia bioinformatických nástrojov za účelom interpretácie týchto dát vo svetle biologických súvislostí. (http://www.embnet.sk/edu/ppb/index.php?lang=sk&i=lec_1_1, 2010).

Bioinformatika je definovaná ako vedecká disciplína, ktorá zahŕňa všetky aspekty získavania biologických informácií, ich spracovania, uskladnenia, distribúcie, analýzy a interpretácie, pričom kombinuje nástroje a techniky matematiky, počítačových vied a biológie za účelom pochopiť biologickú hodnotu širokého spektra dát.

Obsahová náplň bioinformatiky:

- práca s biologickými databázami (database mining)
- identifikácia sekvenčných homológií
- zoradenia sekvencií
- evolučná biológia - fylogenetická analýza
- identifikácia špecifických motívov a paternov
- štruktúrna biológia
- mapovanie genómov
- vyhodnocovanie DNA microarrays

(http://www.embnet.sk/edu/ppb/files/Bioinformatika_S.pdf, 2010)

Problémy, ktoré rieši Bioinformatika:

Vyhľadávanie génov – týka sa predovšetkým vyhľadávania úsekov sekvencií genotypovej DNA. Medzi tieto úseky patria gény kódujúce rôzne proteíny a RNA gény.

Zarovňávanie sekvencií – ide o spôsob usporiadania dvoch, alebo viacerých reťazcov DNA, RNA alebo proteínov na identifikáciu podobných častí, ktoré môžu byť dôsledkom funkčnej, štruktúrálnej, alebo evolučnej príbuznosti medzi týmito reťazcami.

Spájanie genómov - ide o spájanie množstva krátkych DNA sekvencií na vytvorenie reprezentácie pôvodného chromozómu, z ktorého DNA vznikla. Krátke DNA sekvencie vznikajú na základe špeciálneho procesu, ktorý rozdelí DNA na milióny krátkych častí. Tie sú potom načítané pomocou zarovňavacieho stroja. Algoritmus na spájanie genómov tieto sekvencie zarovná. Tento problém je zložitý pretože genómy obsahujú podreťazce, ktoré sa opakujú.

Zarovňávanie proteínovej štruktúry - štruktúralne zarovňávanie je forma zarovňávania sekvencií založená na porovnávaní tvaru a trojdimenzionálnej štruktúry

Predpovedanie proteínovej štruktúry – ide o predpovedanie trojdimenzionálnej štruktúry proteínov na základe sekvencie aminokyselín. Táto metóda je dôležitá napríklad v medicíne pri navrhovaní liekov, alebo v biotechnológii pri navrhovaní nových enzýmov.

Určovanie funkcie proteínu – na riešenie tohto problému zatiaľ neexistujú vhodné dáta. Momentálnym cieľom je zostrojiť databázu obsahujúcu reakcie proteínov. Najprv však treba vytvoriť vhodný spôsob ich reprezentácie

Modelovanie evolučnej histórie – ide o zoskupovanie sekvencií na základe ich podobnosti do stromu. Takýto fylogenetický strom potom reprezentuje zmeny v sekvenciách počas evolúcie (Palušáková, 2009).

1.10.2 NCBI databáza

NCBI – (*National Center for Biotechnology Information* - Národné centrum pre biotechnologické informácie) pôsobí ako zdroj informácií pre molekulárnu biológiu, ktorého poslaním je rozvoj nových informačných technológií s cieľom napomôcť k pochopeniu základných molekulárnych a genetických procesov, ktoré ovplyvňujú zdravotný stav a choroby živých organizmov (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>, 2010).

Poznáme tri hlavné databázy sekvencií DNA:

GenBank (Amerika)

EMBL (Európa)

DDBJ (Japonsko)

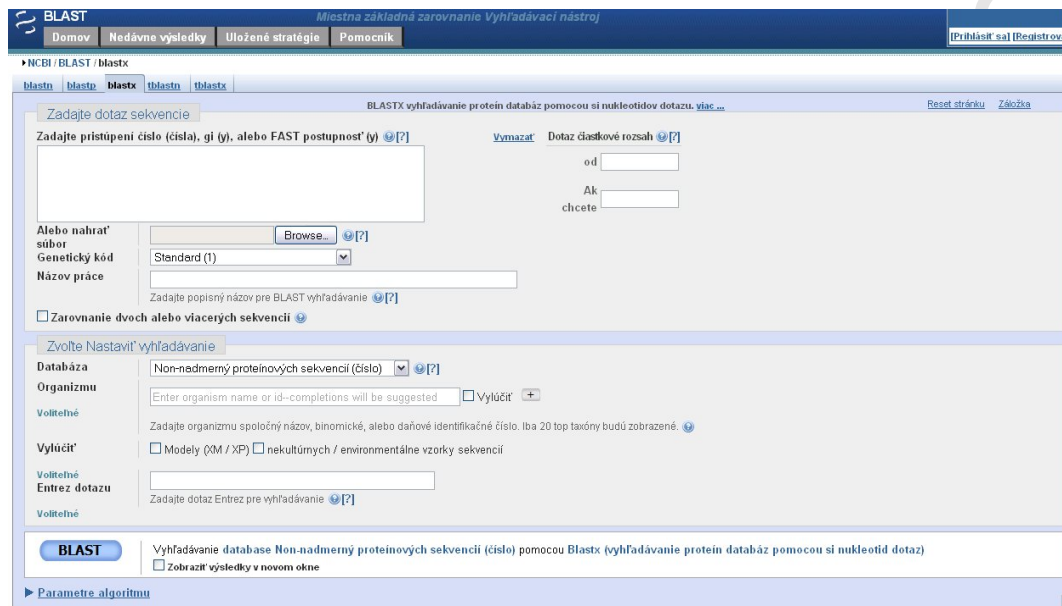
Rozhranie NCBI Entrez umožňuje nielen prístup k databáze GenBank a pridruženým sekvenčným databázam, ale aj prehľadávanie ďalších zdrojov. Väčšina z nich je zameraná skôr na medicínu a ľudskú genetiku. Sú však medzi nimi aj databázy s informáciami dôležitými i pre nelekárske biologické odbory – napríklad databáza máp niektorých sekvenovaných prokaryotických a eukaryotických génomov s odkazmi na referenčné sekvencie v databázach (Cvrčková, 2006).

BLAST

Algoritmus BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) je podľa Cvrčkovej (2006) v súčasnosti najrozšírenejším heuristickým algoritmom na prehľadávanie

veľkých databáz. Prakticky všetky verejne prístupné databázy sekvencií dávajú k dispozícii server s programom BLAST, dostupný prostredníctvom webového rozhrania. Verzia programu BLAST používaná a naďalej vyvíjaná na americkom NCBI, tzv. NCBI BLAST, sa stala dnes už štandardným webovým nástrojom k prehľadávaniu rozsiahlych databáz.

Obr.1 Náhľad do programu BLAST v databáze NCBI



Primer - BLAST

Primer (prajmer) je úsek ribonukleovej kyseliny (RNA), ktorý zohráva dôležitú úlohu v procese replikácie DNA. Je to krátky reťazec pozostávajúci len z niekoľkých ribonukleotidov - oligonukleotid, na ktorého 3'-OH skupinu dokážu replikačné enzýmy zo skupiny DNA-polymeráz pridávať deoxyribonukleotidy a zahájiť tým tvorbu nového dcérskeho reťazca DNA. DNA-polymerázy totiž dokážu pridávať deoxyribonukleotidy len k už existujúcemu reťazcu nukleovej kyseliny. Preto je primer dôležitý na začiatku procesu vlastnej replikácie DNA (<http://sk.wikipedia.org/wiki/Primer>, 2010).

Program Primer-BLAST bol vyvinutý NCBI na pomoc používateľovi špecifikovať prajmery vložení do PCR šablóny. Výsledky získané z databázy sú následne automaticky analyzované, aby sa zabránilo vzájomnému naväzovaniu sa prajmerov (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/primerinfo.html&usg=ALkJrhiRiP0cdOtvAvrWlupigYYHeLYMA>, 2011).

Obr.2 Náhľad do programu Primer – BLAST v databáze NCBI

Primer-BLAST nástroj pro hledání specifických primerov

NCBI / Primer-BLAST: Hľadanie priméry špecifickými pre šablóny PCR (pomocou Primer3 a BLAST). [Primer3](#) [Tipy pre hľadanie špecifických primerov](#)

[Reset stránky](#) [Uložiť vybrané parametre](#) [Nahrať posledné výsledky](#)

PCR šablóny

Zadajte pristupení, gi, alebo FAST sekvencie (refseq záznam je preferované) [?] [Vymazať](#)

Rozsah

Dopredu primer: Od Do

Reverzný primer: [Vymazať](#)

Alebo, upload súborov FAST [Browse...](#)

Primer Parametre

Používať svoje vlastné dopredu primer (5' -> 3' na plus časť) [Jasný](#)

Používať svoje vlastné reverzný primer (5' -> 3' na minus časť) [Jasný](#)

PCR produkt veľkosť

Primer k návratu

Primer teploty topenia (T_m)

Min	Max	Opt min	Max Max	T _m rozdielom
70	1000	57.0	60.0 63.0	3 [?]

Exon / intronom výber

Refseq mRNA sekvencie ako vstupné šablóna PCR je nutné pre voľby v sekcii [?](#)

Exon križovatky rozpätie [Žiadnu preferenciu](#)

Exon križovatky zápas

Exon na 5' strane Exon na 3' strane

Minimálny počet základní, ktoré musia popušťať na exon na 5' alebo 3' strane križovatky

Primer musí byť oddelené aspoň jeden intronom na zodpovedajúce genomické DNA [?](#)

Intronom zaradenie

Intronom dĺžka

Min	Max
1000	1000000 ?

Primer Pair Parametre Špecifickosť Kontrola

Ako primery sa najčastejšie používajú syntetické oligonukleotidy s dĺžkou 16-25 nukleotidov. Pri ich návrhu treba dbať na určité pravidlá:

- primery použité v jednej PCR reakcii (primerový pár) musia mať približne rovnakú teplotu topenia (T_m - teplota, pri ktorej je ½ primerov prítomná v jednovláknovej forme; anelačná teplota je cca o 5°C nižšia ako T_m)
- doporučená hodnota obsahu GC párov je v rozmedzí 40-60%
- rovnomerné rozmiestnenie nukleotidov (tzn. nemali by byť 4 rovnaké nukleotidy za sebou)
- sekvencia primerov musí byť jedinečná, aby nasadali len na špecifické miesto na templátovej DNA, pričom špecifická primeru je ovplyvnená predovšetkým sekvenciou na 3'-konci (na 5'-konci môže obsahovať nekomplementárne sekvencie)
- do mastermixu pridávať primery v rovnakej koncentrácii

Teplotu topenia (T_m) primerov možno vypočítať podľa vzorca:

$$T_m = 4 \times (\text{počet}[C] + \text{počet}[G]) + 2 \times (\text{počet}[A] + \text{počet}[T])$$

Dôležitým faktorom, ktorý ovplyvňuje vznik špecifického produktu, je tvorba primerových sekundárnych štruktúr. Komplementárne páry báz sa môžu vytvárať v rámci toho istého primeru a je možné aj párovanie priameho a reverzného primeru

navzájom. Ak v komplexe zostáva voľný 3'-koniec, dochádza k syntéze krátkych nešpecifických produktov tzv. primer dimérov, ktoré znižujú účinnosť špecifickej PCR. Preto je potrebné navrhovať primery s čo najnižšou samokomplementárnosťou (<http://www.bioweb.genezis.eu/?cat=11&file=pcr>).

Pre návrh prajmerov je možné použiť aj ďalšie známe softvéry ako napríklad AlleleID, Amplify, AmplifX, Medusa, Metyl Primer Express, PrimerD, OligoChecke, PRIMEGENS a pod. (http://www.humgen.nl/primer_design.html, 2010).

2 Cieľ práce

Cieľom práce bola genomická analýza poradia nukleotidov génu AmA1 *A. hypochondriacus* L., a vytvorenie návrhov prajmerov jeho potenciálnych molekulárnych markérov metódami genomiky. Pri vyhodnocovaní boli uskutočnené porovnávania špecifických sekvencií nájdených prajmerov s celou NCBI databázou za účelom jedinečnosti identifikácie AmA1 génu.

3 Metodika práce a metody skúmania

Záverečná práca bola realizovaná na Katedre genetiky a šľachtenia rastlín, v období od septembra 2010 do apríla 2011. Pre dosiahnutie stanovených cieľov práce boli pomocou verejne dostupnej databázy sekvencií na portáli NCBI <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> použité bioinformatické metódy porovnávania genómov, metódou BLAST a metódou Primer designing tool. V rámci metódy BLAST bola zvolená požiadavka nešpecifické vyhľadávanie v celej nukleotidovej kolekcii (*nucleotide collection* (nr/nt)), databáza - „Ostatné“ (*Others*) a na porovnanie sekvencií génov láskavca boli využité všetky tri možné techniky BLAST:

Technika „Highly similar sequences“ - veľmi podobné sekvencie je schopná vyhľadať gény s najväčšou podobnosťou sekvencií vzhľadom k porovnávanému génu, vyhodnotiť podobnosť, prekrytie a určiť výsledky zisťovania. Technika „More dissimilar sequences“ - viac odlišné sekvencie dokáže operatívne vyhľadať gény s väčšou odlišnosťou sekvencií vzhľadom k porovnávanému génu a vyhodnotiť podobnosť, prekrytie a určiť výsledky zisťovania. Pomocou techniky „Somewhat similar sequences“ - trochu podobné sekvencie je možné vygenerované gény s menšou podobnosťou sekvencií vzhľadom k porovnávanému génu, sledovaním vyhodnotiť podobnosti v nukleotidoch, prekrytie a následne spracovať výsledky zisťovania.

Pre návrh prajmerov metódou „Primer designing tool“ boli v programe zadané nasledovné nastavenia vstupných podmienok:

I. Vstupné podmienky:

- celá nukleotidová sekvencia génu AmA1
- dĺžka PCR produktu 200 – 500 b.p. (bázové páry)
- teplota topenia prajmera 57 – 63 °C
- druhovo nešpecifikovaný prajmer

II. Vstupné podmienky:

- Umiestnenie priameho prajmera v oblasti nukleotidov 200 - 500 génu AmA1
- dĺžka PCR produktu 200 – 500 b.p. (bázové páry)
- teplota topenia prajmera 57 – 63 °C
- spätný prajmer nešpecifikovaný

Výsledky použitých metód bioinformatiky boli spracované za pomoci využitia informačných technológií. Vygenerované sekvencie, prajmery a grafické výsledky boli skopírované z databázy NCBI a spracované v operačnom systéme Microsoft Windows XP professional. Obrázky boli upravované jednak priamo v programe na tvorbu textových dokumentov MS Word, v ktorom je práca napísaná a jednak bolo niektoré obrázky potrebné upraviť v programe Kreslenie za účelom jednoduchšej orientácie čitateľa. Všetky použité obrázky v práci sú vo formáte jpg.. Tabuľky nachádzajúce sa v práci boli spracované v programe MS Excel, ktorého výstup je vo formáte xls.

4 Výsledky práce

4.1 Výsledky metódy „BLAST“

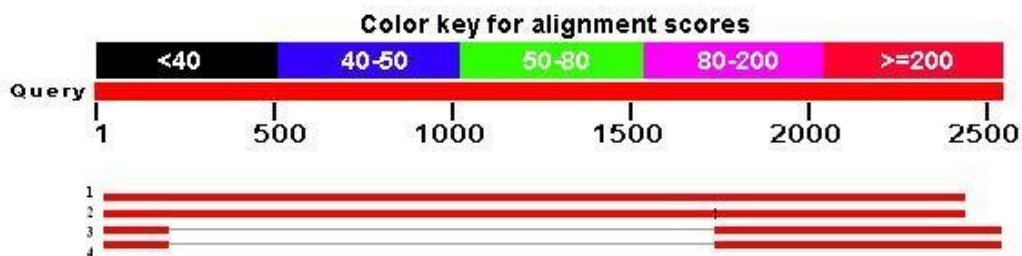
Výsledky metódy „BLAST“, sú prezentované jednak v grafických podobách (Obr. 3, 4, 5), ktoré na úrovni jednotlivých porovnaní znázorňujú podobnosti sekvencií s génom AmA1, a jednak vo forme popisných údajov, zoradených do tabuľkovej podoby (Tab. 1, 2, 3).

Pri zobrazovaní výsledkov techník určujúcich *veľmi podobné sekvencie* a *viac odlišné sekvencie* bolo použité i podrobné rozpísanie jednotlivých sekvencií, avšak vzhľadom k rozsiahlosti výsledkov techniky *trochu podobné sekvencie* sú v predkladanej práci zaradené len grafické a tabuľkové znázornenia výsledkov zisťovania.

4.1.1 Genomická analýza podobnosti AmA1 génu v NCBI databáze technikou „Highly similar sequences“

Výsledky porovnávania technikou „Highly similar sequences“ preukázali až sto percentnú možnú podobnosť AmA1 génu s génom *A. hypochondriacus* mRNA príslušné číslo Z11577.1. Prekrytie s uvedeným génom sa však preukázalo len na štyridsať percent.

Obr.3 Grafické zhrnutie vygenerovaných sekvencií veľmi podobných AmA1 génu



Legenda:

1. *Amaranthus hypochondriacus agglutinin (AHA) gene, complete cds* – Láskevce červenoklasý AHA, kompletný cds

2. *Amaranthus caudatus agglutinin gene, complete cds* – Láskavec chvostnatý aglutinín-gén, kompletný cds.

3. *A. hypochondriacus mRNA for seed specific protein of balanced nutritional quality*
Láskavec červenoklasý-mRNA osivo špecifického proteínu pre vyváženú nutričnú kvalitu

4. *Amaranthus caudatus agglutinin mRNA, complete cds* - Láskavec chvostnatý aglutinín mRNA, kompletný cds.

Preklad:

Color key for alignment scores - farebný kľúč pre zoradenie výsledkov

Query – rozsah porovnávaných nukleotidov

V tabuľke č.1 je uvedená podobnosť štyroch génov veľmi podobných génu AmA1. Ich maximálna podobnosť sa pohybuje na úrovni 98 – 100 %. Tabuľka obsahuje i prístupové čísla génov, pomocou ktorých je možné jednotlivé gény jednoducho vyhľadať v databáze NCBI.

Tab.1 Sekvencie veľmi podobné AmA1 génu

Por. č.	Názov - popis (lat. / slov.)	Prístupové číslo	Max. výsledok	Celkový výsledok	Zistené prekrytie	Max. podobnosť
1.	<i>Amaranthus hypochondriacus agglutinin (AHA) gene, complete cds</i> Láskavec červenoklasý AHA, kompletný cds	AF143954.1	4383	4445	96%	98%
2.	<i>Amaranthus caudatus agglutinin gene, complete cds</i> Láskavec chvostnatý aglutinín gén, kompletný cds.	AF401479.1	2791	4136	96%	98%
3.	<i>A. hypochondriacus mRNA for seed specific protein of balanced nutritional quality</i> Láskavec červenoklasý-mRNA osivo špecifického proteínu pre vyváženú nutričnú kvalitu	Z11577.1	1493	1883	40%	100%
4.	<i>Amaranthus caudatus agglutinin mRNA, complete cds</i> Láskavec chvostnatý aglutinín mRNA, kompletný cds.	AY048755.1	1421	1806	40%	99%

Sekvencie:

V nasledovných sekvenciách je pod pojmom „Query“ znázornené poradie nukleotidov AmA1 génu, ktorý je porovnávaný s inými génmi. Poradie nukleotidov týchto génov je označené pojmom „Sbjct“. Sekvencie sú uvedené pre každý gén jednotlivo a okrem iného obsahujú údaje o zhodnosti, výsledkoch a dĺžke sekvencie.

AF143954.1 Amaranthus hypochondriacus agglutinin (AHA) gene, complete cds

Dĺžka = 2453

Výsledky = 4383 bits (2373), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 2431/2457 (99%), úsek = 11/2457 (0%)

Reťazec = Plus/Plus

```
Query 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGGAGTACTTAAGA 60
      |||
Sbjct 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGAAGTACTTAAGA 60

Query 61 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTA 120
      |||
Sbjct 61 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTA 120

Query 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 180
      |||
Sbjct 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 180

Query 181 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGTACGtttttttttGCGTTTATACTTCC 240
      |||
Sbjct 181 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGTACG-TTTTTTTCGCGTTTATACTTCC 239

Query 241 TCCGTTTCAATATTAGGTCGCAATATATCGAAAATAAACACTATTCACTTATCTCCTTTA 300
      |||
Sbjct 240 TCCGTTTCAATA-TA-GTCGCAATATATCGAAAATAAACACTATTCACTTATCTCCTTTA 297

Query 301 ATTTGTGATTGATAAGTAATTTATAAGTTAAAACATAGTCAACTGAGATCTTGTTTGATT 360
      |||
Sbjct 298 ATTTGTGATTGATAAGTAATTTATAAGTTAAAACATAGTCAACTGAGATCTTGTTTGATT 357

Query 361 CATCTCGACGTAAGattattaatatcaaatTTTTataatttatattat-cataattgt 419
      |||
Sbjct 358 CATCTCGACGTAAGATTATTAATATCAAATTTTATAATTTATATTATACATAATTGT 417

Query 420 agttattaatgattgaattaAAGCATTAGACTGCGTGAAAAGACATATGTTGTAAGTAT 479
      |||
Sbjct 418 AGTTATTAATGATTGAATTAAGCATTAGACTGCGTGAAAAGACATATGTTGTAAGTAT 477
```

Query 480 TTTGGAACGAAGGTAGTATTATATTTCTTCTGTAGTCTATTTAAATTTGCGATATTAA 539
 |||
 Sbjct 478 TTTGGAACGAAGGTAGTATTATATTTCTTCTGTAGTCTATTTAAATTTGCGATATTAA 537

Query 540 ATTAAATATTTAAGAttttttGGGTTATATGTTTC-AATTCGGAGTGAGTACGTACTT 598
 |||
 Sbjct 538 ATTAAATATTTAAGATTTTGTGAGTTATATGTTTCAAATTATGGAGTGAGTACGTACTT 597

Query 599 TAAG-ATACTTTTGTACTAGCAACCATTGATTGACATAATTAATAAATGGGAAATCCA 657
 |||
 Sbjct 598 TAAGTATACCTTTGTACTAGCAACCATTGATTGACATAATTAATAAATGGGAAATCCA 657

Query 658 CATGGTAGCATCCAGTTTGTGAAATGACAGTGGTGACACTTTTTTAAGAAAATCCAC 717
 |||
 Sbjct 658 CATGGTAGCATCCAGTTTGTGAAATGACAGTGGTGACACTTTTTTAAGAAAATCCAC 717

Query 718 ATGGTAGCATTCAAGTTGTAGCATTTCGGTTAAGTCTTGTAAATTCCTAAATTTAT 777
 |||
 Sbjct 718 ATGGTAGCATTCAAGTTGTAGCATTTCGGTTAAGTCTTGTAAATTCCTAAATTTAT 777

Query 778 CATTTTGTAAAGttttttCCACATGGTAGCATCCAGTTTGTAAATTTACCATTTAAC 837
 |||
 Sbjct 778 CATTTTGTAAAGTTTTTCCACATGGTAGCATCCAGTTTGTAAATTTACCATTTAAC 837

Query 838 TCTTAATTCACCATTTAATGTTTAATCACTATTTAATTCATTAACGCTCACAAGTGTT 897
 |||
 Sbjct 838 TCTTAATTCACCATTTAATGTTTAATCACTATTTAATTCATTAACGCTCACAAGTGTT 897

Query 898 AGATATTTTTATTGAAAAATTATAAGAAAATATCTAATCGGGTCGAAACAAGTACTTATT 957
 |||
 Sbjct 898 AGATATTTTTATTGAAAAATTATAAGAAAATATCTAATCGGGTCGAAACAAGTACTTATT 957

Query 958 CGCCTATTTTTCGATACGTAACCGGAAAAGATATTTGGCGTCAGTTTACCTATCAT-A 1016
 |||
 Sbjct 958 CGCCTATTTTTCGATACGTAACCGGAAAAGATATTTGGCGTCAGTTTACCTATCATAA 1017

Query 1017 CGA-TCTTTTCGAAAAACGGACGTTGCAATTACTCTTAT-GGAT-ACTCTTCGAAAATT 1073
 |||
 Sbjct 1018 CGATTTTTTCAAAAAACGGACGTTGCAATTACTCTTATGGGATAACTCTTCGAAAATT 1077

Query 1074 CGGTCGAAACAAGTACTTATTCGCCTATTTCCGATAGATGTGTTCAAGAAAATGGGACC 1133
 |||
 Sbjct 1078 CGGTCGAAACAAGTACTTATTCGCCTATTTCCGATAGATGTGTTCAAGAAAATGGGACC 1137

Query 1134 ACTAAATGATTCAAAGGGAGTATTTAGGAGTAATTATGTTGACAAAATTATATTGAAC 1193
 |||
 Sbjct 1138 ACTAAATGATTCAAAGGGAGTATTTAGGAGTAATTATGTTGACAAAATTATATTGAAC 1197

Query 1194 TAATAGCTATGGTGATGCTTGTTC AATTTCACTGATTTTGTACAATCATAAAGTTTCTTG 1253
 |||
 Sbjct 1198 TAATAGCTATGGTGATGCTTGTTC AATTTCACTGATTTTGTACAATCATAAAGTTTCTTG 1257

Query 1254 ATCACATTTCCaaaaaatgaaatttaagtg gcaaaaaatgtaaatataaaatttgaca 1313
 |||
 Sbjct 1258 ATCACATTTCCAAAAAATGAAATTTAAGTGG CAAAAAATATGTAATATAAAAATTGACA 1317

Query 1314 agtctaattttaaattTTC ACTAAttttttAAATAAACGAAATACAACATAATATACT 1373
 |||
 Sbjct 1318 AGTCTAATTTAAAATTTTCACTAATTTTTTTAATAAACGAAATACAACATAATATACT 1377

Query 1374 TTTATTGAGATATATTTTGTGAAATTTAATTTAAATGTCACC ACTATAAATTTGTAATAA 1433
 |||
 Sbjct 1378 TTTATTGAGATATATTTTGTGAAATTTAATTTAAATGTCACC ACTATAAATTTGTAATAA 1437

Query 1434 TACATATAGTTGATTAGTTACATTTATTAGACCTTCTAGCAGCATAAT TAAAAATATAC 1493
 |||
 Sbjct 1438 TACATATAGTTGATTAGTTACATTTATTAGACCTTCTAGCAGCATAAT TAAAAATATAC 1497

Query 1494 TAAAGTTTTTTCCTGAGATAGGATCTAATGATATTTCTCATATGCCGGCCATGCAACCAA 1553
 |||
 Sbjct 1498 TAAAGTTTTTTCCTGAGATAGGATCTAATGATATTTCTCATATGCCGG -CATGCAACCAA 1556

Query 1554 ATAAAGTGTACTATATAAATTACTAAAGTAGCGGCATTTTTTAATGTTGCAAAAAGAAA 1613
 |||
 Sbjct 1557 ATAAAGTGTACTATATAAATTACTAAAGTAGCGGCATTTTTTAATGTTGCAAAAAGAAA 1616

Query 1614 ATTTTGTTTAGTGACGGTCTTATAGCTCTATTGGGCTGACATATGTACATTTAGTGTGAA 1673
 |||
 Sbjct 1617 ATTTTGTTTAGTGACGGTCTTATAGCTCTATTGGGCTGACATATGTACATTTAGTGTGAA 1676

Query 1674 ATGATCACTTATAATTTTAAAGTAATGCAATTACAGAGTGACTTCTTTACAATGAATTTG 1733
 |||
 Sbjct 1677 ATGATCACTTATAATTTTAAAGTAATGCAATTACAGAGTGACTTCTTACAATGAATTTG 1736

Query 1734 GGTTTTTGTCTTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCA 1793
 |||
 Sbjct 1737 GGTTTTTGTCTTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCA 1796

Query 1794 GATGAAAATAAAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGT 1853
 |||
 Sbjct 1797 GATGAAAATAAAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGT 1856

```

Query 1854 AACATGAAAAAGGTTTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTATACAGAAAATTATACC 1913
      |||
Sbjct 1857 AACATGAAAAAGGTTTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTATACAGAAAATTATACC 1916

Query 1914 GTTGGTGGGTCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCT 1973
      |||
Sbjct 1917 GTTGGTGGGTCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCT 1976

Query 1974 AAAGACGTATTCATGTCATAGATTGGAATCAATCTTCAATTTCCAAAACATATGTC 2033
      |||
Sbjct 1977 AAAGACGTATTCATGTCATAGATTGGAATCAATCTTCAATTTCCAAAACATATGTC 2036

Query 2034 ACATTTAAAGGAAATAATGGAAAATATTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGT 2093
      |||
Sbjct 2037 ACATTTAAAGGAAATAATGGAAAATATTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGT 2096

Query 2094 CTACAATTTGGGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGGTGGCTCATCAAATGTTTGTCACT 2153
      |||
Sbjct 2097 CTACAATTTGGGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGGTGGCTCATCAAATGTTTGTCACT 2156

Query 2154 TCTAATGGTACTATTTCATTAAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTCTACG 2213
      |||
Sbjct 2157 TCTAATGGTACTATTTCATTAAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTCTACG 2216

Query 2214 GATAATTGGATATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAACTAATGAAGCTGCTGCGTTG 2273
      |||
Sbjct 2217 GATAATTGGATATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAACTAATGAAGCTGCTGCGTTG 2276

Query 2274 TTTAGGTCGGATGTGCATGATTTTAAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATGCAAAAACTTGG 2333
      |||
Sbjct 2277 TTTAGGTCGGATGTGCATGATTTTAAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATGCAAAAACTTGG 2336

Query 2334 TTTATTAAGAGATTACGATGTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACT 2393
      |||
Sbjct 2337 TTTATTAAGAGATTACGATGTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACT 2396

Query 2394 CAAATGTTGATGAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAA 2450
      |||
Sbjct 2397 CAAATGTTGATGAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAA 2453

```

Výsledky = 62.1 bits (33), očakávanie = 2e-05

Zhodnosť = 35/36 (98%), úsek = 0/36 (0%)

Ref'azec = Plus/Plus

```

Query 1075 GGTCGAAACAAGTACTTATTCGCTATTTTCGATA 1110
      |||
Sbjct 938 GGTCGAAACAAGTACTTATTCGCTATTTTCGATA 973

```

Sekvence porovnaných génov sú vzájomne odlišné. Poradie jednotlivých génov a ich sekvencií nasleduje tak, ako sú gény zoradené v tabuľke č.1, ktorá obsahuje aj slovenský názov.

AF401479.1 Amaranthus caudatus agglutinin gene, complete cds

Dĺžka = 2631

Výsledky = 2791 bits (1511), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 1699/1782 (96%), úsek = 44/1782 (2%)

Ret'azec = Plus/Plus

```
Query 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAAATCAAATAACAACCAGGAGTACTTAAGA 60
      |||
Sbjct 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAAATCAAATAACAACCAGAAGTACTTAAGA 60

Query 61 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120
      |||
Sbjct 61 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120

Query 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 180
      |||
Sbjct 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 180

Query 181 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGTACGtttttttCGCGTTTATACTTCC 240
      |||
Sbjct 181 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGTACGTTTTTTTTCGCGTTTATACTTCC 240

Query 241 TCCGTTTCAATATTAGGTCGCAATATATCGAAAATAAACACTATTCACCTTATCTCCTTTA 300
      |||
Sbjct 241 TCCGTTTCAATA-TA-GTCGCAATATATCGAAAATAAACACTATTCACCTTATCTCCTTTA 298

Query 301 ATTTGTGATTGATAAGTAATTTATAAGTTAAAACATAGTCAACTGAGATCTTGTGTTGATT 360
      |||
Sbjct 299 ATTTGTGATTGATAAGTAATTTATAAGTTAAAACATAGTCAACTGAGATCTTGTGTTGATT 358

Query 361 CATCTCGACGTAAGattattaatatcaaatTTTTataatttatattat-cataattgt 419
      |||
Sbjct 359 CATCTCGACGTAAGATTATTAATATCAAATTTTTATAATTTATATTATACATAATTGT 418

Query 420 agttattaatgattgatta-AAGCATTAGACTGCGTBAAAAAGACATATGTTGTAAGTA 478
      |||
Sbjct 419 AGTTATTAATGATTGATTAGTA-CATTAGACTGCGTBAAAAAGGCATATGTTGTAAGTA 477

Query 479 TTTTGAACGAAGGTAGTATTATATTTCTTCTGTTAGTCTATTT-AAATTTGEGATATTT 537
      |||
Sbjct 478 TTTTGAACGAAGGTAGTATTATATTTCTTCTGTTAGTCTATTTAAAATTTGEGATATTT 537
```

Query 538 AAATTAATATTTAAGAttttTGGGTATATGTTTC-AAATCTGGAGTGAGTACGTAC 596
|||||
Sbjct 538 AAATTAATATTTAAGATTTTGTGAGTTACATGTTCAAATCTGGAGTGAGTACGTAC 597

Query 597 TTTAAG-ATACTTTTGTACTAGCAACCAATTTGATTGACATAATTAATAAATGGGAAATTC 655
|||||
Sbjct 598 TTTAAGTATACTTTTGTACTAGCTACCAATTTGATTGACATAATTAATAAATGGGAAATTC 657

Query 656 CACATGGTAGCATCCAGTTTGTGATGAAATGACAGTGGTGACACTTTTTTAAGAAAATTC 715
|||||
Sbjct 658 CACATGGTAGCATCTAGTTTGTGATGAAATGCCAGTGGTGACACTTTTTTAAGAAAATTC 717

Query 716 ACATG---G---T-AG-----CA-T-TC-AGTT---GTAGCAATTTCCGTTAAGTTCTT 756
|||||
Sbjct 718 ACATGCTAGCATTCAAGTTTATACACTATCTAATGCCGTAGCAATTTCCGTTAAGTTCTT 777

Query 757 GTTAAATCCACTAAATTTATCATTTTGTAAGtttttCCACATGGTAGCATCCAGTTT 816
|||||
Sbjct 778 GTTAAATCCACTAAATTTATCATTTTGTAAGTTTTTCCACATGGTAGTATCCAGTTT 837

Query 817 TTGTTAATTACCATTTTAACTCTTAATTCACCATTTTAATGTTAATTCACTATTTAAT 876
|||||
Sbjct 838 TTGTTAATTATCATTTTAACTCTTAATTCACCATTTTAATGTTAATTCACTATTTAAT 897

Query 877 TCATTAACGCTCACAAGTGTAGATATTTTATTGAAAAATATAAGAAAATATCTAATC 936
|||||
Sbjct 898 TCATTAACGCTCATAAGTGTAGATATTTTATTGAAAAATATAAGAAACTATCTAATC 957

Query 937 GGGTCGAAACAAGTACTTATTCGCCTATTTTTCGATACGTAAACCGGAAAAGATATTTGG 996
|||||
Sbjct 958 GGGTCGAAACAAGAACTTATTCGCCTATTTTTCGATACGTAAACCGGAAAAGATATTTGG 1017

Query 997 CCTCAGTTTACCTATCAT-ACGA-TCTTTTCGAA-AAACGGACGTGCAATTACTCTTA 1053
|||||
Sbjct 1018 CCTCATTTTTACCTATCATACGATTTTTTTC-AATAAACGGACGTGCAATTACCTTA 1076

Query 1054 T-GGAT-ACTTTTTCGAAAATTCGGTCGAAACAAGTACTTATTCGCCTATTTCCGATAG 1111
|||||
Sbjct 1077 TGGGATAACTTTTTCGAAAATCCGGTCGAAACAAGTACTTATTCGCCTATTTCCGATAG 1136

Query 1112 ATGTGTTCAAGAAAATGGCACTAAATGATTCAAAGGAGTATTTAGGAGTAATTAT 1171
|||||
Sbjct 1137 ATGTGTTCAAGAAAATGGCACTAAATGATTCAAAGGAGTATTTCCGGAGTAATTAT 1196

Query 1172 GTTGACAAAATATATTTGAACATAAGCTATGGTGTGCTTGTTC AATTCACTGATT 1231
|||||
Sbjct 1197 GTTGACAAAATATACTTGAACATAAGCTACGGTGTGCTTGTTC AATTCACTGATT 1256

```

Query 1232 TGTACAATCATAAAGTTTCTTGATCACATTTC-aaaaaatgaaatttaagtgccaaaa 1290
          |||
Sbjct 1257 TGTACAATCATAAAGTTTCTTGATCACATTTCAAAAAATGAAAGTTAAGTGGCAAAA 1316

Query 1291 atatgtaaatataaaatttgacaagtctaatttaaattTTCACTAAttttttAATAA 1350
          |||
Sbjct 1317 ATATGTGAATATAAATTGACAAGTCTAATTTAAAATTTTCACTAATTTTTTAAATAA 1376

Query 1351 AACGAAATACAACATAATATACTTTTATTGAGATATATTTGTGAAATTAATTTAAATG 1410
          |||
Sbjct 1377 AACGAAATACAACATAATATACTTTTATTGAGATATATTTGTGAAATTAATTTAAATG 1436

Query 1411 TCACCACTATAAATTGTAATAATACATATAGTTGATTTAGTTACATTTATTAGACCTTC 1470
          |||
Sbjct 1437 TCACCACTATAAATTGTAATGGTACATATAGTTGATTTAGTTACATTTATTAGACCTTC 1496

Query 1471 TAGCAGCATAAATTAATAATACTAAAGTTTTTCTGAGATAGGATCTAATGATATTTC 1530
          |||
Sbjct 1497 TAGCTGCATAAATTAATCATACTAAAGCTTTTTCTGAGATAGAATCTAATGATATTTC 1556

Query 1531 TCATATGCCGGCCATGCAACCAAATAAAGTGTTACTATATAAATTACTAAAGTAGCGGC 1590
          |||
Sbjct 1557 TCATATGCCGGC-ATGCAACCAAATAAAGTGTTACTATATAAATTACTAAAGTAGCGCA 1615

Query 1591 TTTTTAATGTTGCAAAAAGAAAATTTGTTTAGTGACGGTCTTAG----CT--CT- 1642
          |||
Sbjct 1616 TTTTTAATGTTGCAAAAAGAAAATTTGTTTAGTGACGGTCTTAGTGTGACTATCTG 1675

Query 1643 -ATTGGGCTGACATATGTACATTTAGTGTGAATGATCACTTATAATTTAAAGTAATGC 1701
          |||
Sbjct 1676 TATTGGGCTGACATATGTACATTTAGTGTGAATGATCACTTATAATTTAAAGTAATAC 1735

Query 1702 AATTACAGAGTGACTTGTTCACAATGAATTTGGGTTTTGTG 1743
          |||
Sbjct 1736 AATTACAGAGTGACTTGTTCACAATGAATTTGGGTTTTGTG 1777

```

Výsledky = 1279 bits (692), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 717/729 (99%), úsek = 1/729 (0%)

Ref'azec = Plus/Plus

```

Query 1722 ACAATGAATTTGGGTTTTTGTCTTAGGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCA 1781
          |||
Sbjct 1904 ACAA-GAATTTGCGTTTTTGTCTTAGGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCA 1962

```

Query 1782 GCCAATGAACCAGATGAAAATAAAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTAC 1841
 |||
 Sbjct 1963 GCCAATGAACCAGATGAAAATAAAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTAC 2022

Query 1842 GTAGAAGAAGGTAACATGAAAAAGGTTTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTATACA 1901
 |||
 Sbjct 2023 GTAGAAGAAGGTAACATGAAAAAGGTTTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTATACA 2082

Query 1902 GAAAATATACCGTTGGTGGGTCCTTCGTATCATACTATTGCGGAATCAAGTCAAATT 1961
 | |||
 Sbjct 2083 CAGAATATACCGTTGGTGGGTCCTTCGTATCATACTATTGCGGAATCAAGTCAAATT 2142

Query 1962 GATACCGGCTCTAAAGACGTATTCATGTCATAGATTGGAATCAATCTTCAATTTCCC 2021
 |||
 Sbjct 2143 GATACCGGCTCTAAAGACGTATTCATGTCATAGATTGGAATCAATCTTCAATTTCCC 2202

Query 2022 AAAACATATGTCACATTTAAAGGAAATAATGGAAAATATTTAGGGTTATCACAATTAAT 2081
 |||
 Sbjct 2203 AAAAGATAATGTCACATTTAAAGGAAATAATGGAAAATATTTAGGGTTATCACAATTAAT 2262

Query 2082 CAACTCCATGTCTACAATTTGGGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGGTGECTCATCA 2141
 |||
 Sbjct 2263 CAACTCCATGTCTACAATTTGGGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGGTGECTCATGAA 2322

Query 2142 ATGTTTGCACTTCTAATGGTACTATTGTCATTAATCCAATTATATGAACAAGTTTGG 2201
 |||
 Sbjct 2323 ATGTTTGCACTTCTAATGGTACTATTGTCATTAATCCAATTATATGAACAAGTTTGG 2382

Query 2202 AGACTCTCTACGGATAATTGGATATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGGAACTAATGAA 2261
 |||
 Sbjct 2383 AGACTCTCTACGGATATTGGATATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGGAACTAATGAA 2442

Query 2262 GGTGCTGCGTGTGTTAGGTCGGATGTCATGATTTAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATG 2321
 |||
 Sbjct 2443 GGTGCTGCGTGTGTTAGGTCGGATGTCATGATTTAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATG 2502

Query 2322 CAAAAAAGTGGTTTATTAAGAGATTTACGAGTGGTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATG 2381
 |||
 Sbjct 2503 CAAAAAAGTGGTTTATTAAGAGATTTACGAGTGGTAAGCCTGGGTTTATAAATTGTATG 2562

Query 2382 AATGCAGCTACTCAAATGTTGATGAAACTGCTATTTAGAGATAATAGAATTGGGATCC 2441
 |||
 Sbjct 2563 AATGCAGCTACTCAAATGTTGATGAAACTGCTATTTAGAGATAATAGAATTGGGATCC 2622

Query 2442 AACAACTAA 2450
 |||
 Sbjct 2623 AACAACTAA 2631

Výsledky = 65.8 bits (35), očakávanie = 1e-06

Zhodnosť = 39/41 (96%), úsek = 0/41 (0%)

Reťazec = Plus/Plus

```
Query 933 AATCGGGTGGAAACAAGTACTTATTTCGCCCTATTTTCGATA 973
          |||
Sbjct 1095 AATCGGGTGGAAACAAGTACTTATTTCGCCCTATTTTCGATA 1135
```

Z výsledkov vyplýva, že nasledujúci gén má najmenšiu dĺžku sekvencie, teda najmenší počet nukleotidov.

Z11577.1 A. hypochondriacus mRNA for seed specific protein of balanced nutritional quality

Dĺžka = 1183

Výsledky = 1493 bits (808), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 808/808 (100%), úsek = 0/808 (0%)

Reťazec = Plus/Plus

```
Query 1744 TTAGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCAGATGAAAATA 1803
          |||
Sbjct 255 TTAGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCAGATGAAAATA 314
```

```
Query 1804 AAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACCTTACGTAGAAGAAGGTAACATGAAAA 1863
          |||
Sbjct 315 AAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACCTTACGTAGAAGAAGGTAACATGAAAA 374
```

```
Query 1864 AGGTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTATACAGAAAATTATACCGTTGGTGGGT 1923
          |||
Sbjct 375 AGGTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTATACAGAAAATTATACCGTTGGTGGGT 434
```

```
Query 1924 CCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCTAAAGACGTAT 1983
          |||
Sbjct 435 CCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCTAAAGACGTAT 494
```

```
Query 1984 TCCATGTCATAGATTGGAATCAATCTTCAATTTCCAAAACATATGTCACATTTAAAG 2043
          |||
Sbjct 495 TCCATGTCATAGATTGGAATCAATCTTCAATTTCCAAAACATATGTCACATTTAAAG 554
```

```
Query 2044 GAAATAATGAAAAATTTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGTCTACAATTTG 2103
          |||
Sbjct 555 GAAATAATGAAAAATTTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGTCTACAATTTG 614
```

```
Query 2104 GGTATGATAATCTTAATGATCCAAGGTGGCTCATCAAATGTTTGTCACTTCTAATGGTA 2163
          |||
Sbjct 615 GGTATGATAATCTTAATGATCCAAGGTGGCTCATCAAATGTTTGTCACTTCTAATGGTA 674
```

```

Query 2164 CTATTTCGATTAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTCTACGGATAATTGGA 2223
      |||
Sbjct 675 CTATTTCGATTAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTCTACGGATAATTGGA 734

Query 2224 TATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAAGCTGCTGCGTTGTTTAGGTCGG 2283
      |||
Sbjct 735 TATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAAGCTGCTGCGTTGTTTAGGTCGG 794

Query 2284 ATGTGCATGATTTAATGTGATTCGCTTTTGAACATGCAAAAACTTGGTTTATTAAGA 2343
      |||
Sbjct 795 ATGTGCATGATTTAATGTGATTCGCTTTTGAACATGCAAAAACTTGGTTTATTAAGA 854

Query 2344 GATTTACGAGTGGTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACTCAAATTGTTG 2403
      |||
Sbjct 855 GATTTACGAGTGGTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACTCAAATTGTTG 914

Query 2404 ATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAATATTGGATTGC 2463
      |||
Sbjct 915 ATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAATATTGGATTGC 974

Query 2464 TTTTAAGATTCAAATTAAGTCTAGTTGTTAATGTAAGGAATAAAACGTTGTAAGTCGTC 2523
      |||
Sbjct 975 TTTTAAGATTCAAATTAAGTCTAGTTGTTAATGTAAGGAATAAAACGTTGTAAGTCGTC 1034

Query 2524 TCTTTGAAACAAGAGGGTTCTTCCTTG 2551
      |||
Sbjct 1035 TCTTTGAAACAAGAGGGTTCTTCCTTG 1062

Výsledky = 390 bits (211), očakávanie = 2e-104
Zhodnosť = 213/214 (99%), úsek = 0/214 (0%)

Ref'azec = Plus/Plus

Query 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGGAGTACTTAAGA 60
      |||
Sbjct 47 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGAAGTACTTAAGA 106

Query 61 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120
      |||
Sbjct 107 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 166

Query 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTTCACATC 180
      |||
Sbjct 167 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTTCACATC 226

Query 181 AAATCTCGCTACACTAACAATAATTTGGTTAGGT 214
      |||
Sbjct 227 AAATCTCGCTACACTAACAATAATTTGGTTAGGT 260

```

AY048755.1 Amaranthus caudatus agglutinin mRNA, complete cds

Dĺžka = 1205

Výsledky = 1421 bits (769), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 796/809 (99%), úsek = 1/809 (0%)

Ret'atec = Plus/Plus

```
Query1744 TTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCAGATGAAAATA 1803
      |||
Sbjct 261 TTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCAGATGAAAATA 320

Query 1804 AAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGTAACATGAAAA 1863
      |||
Sbjct 321 AAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGTAACATGAAAA 380

Query 1864 AGGTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTTATACAGAAAATTATACC GTTGGTGGGT 1923
      |||
Sbjct 381 AGGTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTTATACAGAAAATTATACC GTTGGTGGGT 440

Query 1924 CCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCTAAAGACGTAT 1983
      |||
Sbjct 441 CCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCTAAAGACGTAT 500

Query 1984 TCCATGTCATAGATTGGAAATCAATCTTCAATTTCCCAAACATATGTCACATTAAAG 2043
      |||
Sbjct 501 TCCATGTCATAGATTGGAAATCAATCTTCAATTTCCCAAACATATGTCACATTAAAG 560

Query 2044 GAAATAATGGAAAATATTTAGGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGTCTACAATTG 2103
      |||
Sbjct 561 GAAATAATGGAAAATATTTAGGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGTCTACAATTG 620

Query 2104 GGTATGATAATCTTAATGATCCAAGGTGGCTCATCAAATGTTTGTCACTTCTAATGGTA 2163
      |||
Sbjct 621 GGTATGATAATCTTAATGATCCAAGGTGGCTCATCAAATGTTTGTCACTTCTAATGGTA 680

Query 2164 CTATTGCAATTAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTACGGATAATTGGA 2223
      |||
Sbjct 681 CTATTGCAATTAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTACGGATAATTGGA 740

Query 2224 TATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAABCTGCTGCGTTGTTAGGTCGG 2283
      |||
Sbjct 741 TATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAABCTGCTGCGTTGTTAGGTCAG 800

Query 2284 ATGTGCATGATTTAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATGCAAAAACTTGGTTTATTAAGA 2343
      |||
Sbjct 801 ATGTGCATGATTTAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATGCAAAAACTTGGTTTATTAAGA 860
```

```

Query 2344 GATTTACGAGTGCCTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACTCAAATTGTTG 2403
          |||
Sbjct  861 GATTTACGAGTGCCTAAGCCTGGGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACTCAAATGTTG  920

Query 2404 ATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAAATTGGGATCCAACAATAATATATTGGATTGC 2463
          |||
Sbjct  921 ATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGGATTGGGATCCAACAATAATATATTGGATTGC  980

Query 2464 TTTTAAGA-TTCAAATTAAGTCTAGTTGTTAATGTAAGGAATAAAACGTTGTAAGTCGT 2522
          |||
Sbjct  981 TTTTAAGAATTCAAATTAAGTCTAGTTGTTAATGTAAGGAATAAAACGTTGTAAGTCGT 1040

Query 2523 CTCTTTGGAAACAAGAGGGTCTTCTTTG 2551
          |||
Sbjct 1041 CTCTTTGGAAACAAGAGGGCTCTTCTTTG 1069

```

Výsledky = 385 bits (208), očakávanie = 1e-102

Zhodnosť = 212/214 (99%), úsek = 0/214 (0%)

Ref'azec = Plus/Plus

```

Query 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGGAGTACTTAAGA 60
          |||
Sbjct 53 ATGGCAGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGAAGTACTTAAGA 112

Query 61 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120
          |||
Sbjct 113 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 172

Query 121 GATCCATTAGTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 180
          |||
Sbjct 173 GATCCATTAGTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 232

Query 181 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGT 214
          |||
Sbjct 233 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGT 266

```

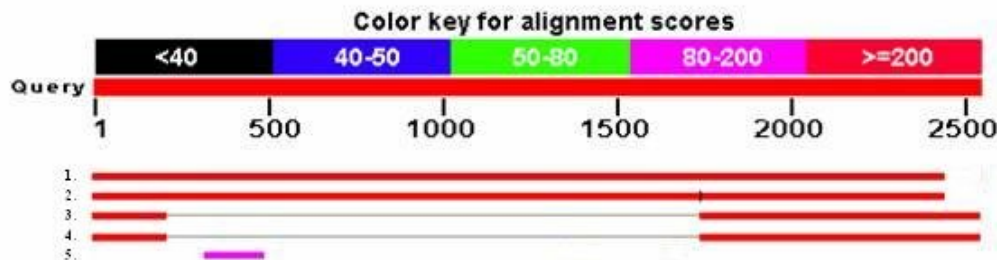
Legenda: Obdĺžnikmi vyznačené poradia nukleotidov zobrazujú nájdené rozdiely v sekvenciách oboch porovnávaných génov.

4.1.2 Genomická analýza podobnosti AmA1 génu v NCBI databáze technikou „More dissimilar sequences“

Výsledky genomickej analýzy sú znázornené graficky, v tabuľkovej forme i rozpísaním sekvencií jednotlivých porovnávaných génov. Pri zisťovaní viac odlišných

sekvencií bolo vyhládaných sedem génov. V rámci hodnotenia výsledkov je však uvedených iba päť génov, nakoľko zostávajúce dva gény nie sú rastlinného pôvodu.

Obr. 4 Grafické zhrnutie vygenerovaných sekvencií viac odlišných od AmA1 génu



Legenda:

1. *Amaranthus hypochondriacus agglutinin (AHA) gene, complete cds* – Láskevce červenoklasý aglutinín gén AHA, kompletný cds
2. *Amaranthus caudatus agglutinin gene, complete cds* – Láskevce chvostnatý aglutinín gén, kompletný cds.
3. *A. hypochondriacus mRNA for seed specific protein of balanced nutritional quality* Láskevce červenoklasý-mRNA osivo špecifického proteínu pre vyváženú nutričnú kvalitu
4. *Amaranthus caudatus agglutinin mRNA, complete cds* - Láskevce chvostnatý aglutinín mRNA, kompletný cds.
5. *rubisco activase, ribulosebisphosphate carboxylase/oxygenase activase {alternatively spliced} [spinach, Genomic, 3691 nt]* – enzým RuBisCo aktívaza, ribulózbifosfátkarboxyláza / oxygenáza aktivovaná {alternatívny zostrih} [genóm špenátu, 3691 nt]

Preklad:

Color key for alignment scores - farebný kľúč pre zoradenie výsledkov

Query – rozsah porovnávaných nukleotidov

Gény v tabuľke č. 1 a 2 sa zhodujú, avšak výsledné hodnoty porovnávania sú rozdielne. Pri porovnávaní viac odlišných sekvencií pribudol k predchádzajúcim štyrom génom láskevca i genóm špenátu.

Tab.2 Zoradenie vygenerovaných sekvencií viac odlišných od AmA1 génu

Por. č.	Názov - popis (lat. / slov.)	Prístupové číslo	Max. výsledok	Celkový výsledok	Zistené prekrytie	Max. podobnosť
1.	<i>Amaranthus hypochondriacus agglutinin (AHA) gene, complete cds</i>	AF143954.1	4275	4275	96%	98%
	Láskavec červenoklasý aglutinín gén AHA, kompletný cds					
2.	<i>Amaranthus caudatus agglutinin gene, complete cds</i>	AF401479.1	2809	4133	96%	98%
	Láskavec chvostnatý aglutinín gén, kompletný cds.					
3.	<i>A. hypochondriacus mRNA for seed specific protein of balanced nutritional quality</i>	Z11577.1	1458	1840	40%	100%
	Láskavec červenoklasý-mRNA osivo špecifického proteínu pre vyváženú nutričnú kvalitu					
4.	<i>Amaranthus caudatus agglutinin mRNA, complete cds</i>	AY048755.1	1397	1775	40%	99%
	Láskavec chvostnatý aglutinín mRNA, kompletný cds.					
5.	<i>rubisco activase, ribulosebisphosphate carboxylase/oxygenase activase {alternatively spliced} [spinach, Genomic, 3691 nt]</i>	S45033.1	86.0	86.0	6%	71%
	enzým RuBisCo aktiváza, ribulózobifosfátkarboxyláza / oxygenáza aktivovaná {alternatívny zostih} [genóm špenátu, 3691 nt]					

Sekvencie:

Rovnako ako v predchádzajúcom prípade, i v nasledovných sekvenciách pod pojmom „Query“ rozumieme poradie nukleotidov AmA1 génu, ktorý je porovnávaný s inými génmi. Poradie nukleotidov týchto génov je označené pojmom „Sbjct“.

AF143954 *Amaranthus hypochondriacus agglutinin (AHA) gene, complete cds*

Dĺžka = 2453

Výsledky = 4275 bits (4740), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 2430/2457 (99%), úsek = 11/2457 (0%)

Reťazec = Plus/Plus

```

Query 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGGAGTACTTAAGA 60
      |||
Sbjct 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGAAGTACTTAAGA 60

Query 61 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120
      |||
Sbjct 61 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120

Query 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTACATC 180
      |||
Sbjct 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTACATC 180

Query 181 AAATCTCGTACACTAACAAATATTGGTTAGGTACGtttttttCGCGTTTATACTTCC 240
      |||
Sbjct 181 AAATCTCGTACACTAACAAATATTGGTTAGGTACGTTTTTTT-CGCGTTTATACTTCC 239

Query 241 TCCGTTTCAATATTAGGTCGCAATATATCGAAAATAAACACTATTCACCTATCTCCTTTA 300
      |||
Sbjct 240 TCCGTTTCAATATA--GTCGCAATATATCGAAAATAAACACTATTCACCTATCTCCTTTA 297

Query 301 ATTTGTGATTGATAAGTAATTTATAAGTTAAAACATAGTCAACTGAGATCTTGTGTTGATT 360
      |||
Sbjct 298 ATTTGTGATTGATAAGTAATTTATAAGTTAAAACATAGTCAACTGAGATCTTGTGTTGATT 357

Query 361 CATCTCGACGTAAAGattattaatatcaaattttataatttatattat-cataattgt 419
      |||
Sbjct 358 CATCTCGACGTAAAGATTATTAATATCAAATTTTATAATTTATATTATACATAATTGT 417

Query 420 agttattaatgattgaattaAAGCATTAGACTGCGTGAAAAAGACATATGTTGTAAGTAT 479
      |||
Sbjct 418 AGTTATTAATGATTGAATTAAGCATTAGACTGCGTGAAAAAGACATATGTTGTAAGTAT 477

Query 480 TTGGAACGAAGGTAGTATTATATTTCTTCTGTTAGTCTATTTAAATTTGCGATATTTAA 539
      |||
Sbjct 478 TTGGAACGAAGGTAGTATTATATTTCTTCTGTTAGTCTATTTAAATTTGCGATATTTAA 537

Query 540 ATTAAATATTTAAGAttttttGGGTTATATGTTTCAA-TTCTGGAGTGAGTACGTACTT 598
      |||
Sbjct 538 ATTAAATATTTAAGATTTTTTGGGTTATATGTTTCAAATTATGGAGTGAGTACGTACTT 597

Query 599 TAAG-ATACTTTTCTACTAGCAACCATTTGATTGACATAATTAATAAATGGGAAATCCA 657
      |||
Sbjct 598 TAAGTATACTTTTCTACTAGCAACCATTTGATTGACATAATTAATAAATGGGAAATCCA 657

Query 658 CATGGTAGCATCCAGTTTTGATGAAATGACAGTGGTGACACTTTTTTAAGAAAATCCAC 717
      |||
Sbjct 658 CATGGTAGCATCCAGTTTTGATGAAATGACAGTGGTGACACTTTTTTAAGAAAATCCAC 717

```

Query 718 ATGGTAGCATTAGTTGTAGCATTTTCCGTTAAGTCTTGTAAATTCCACTAAATTTAT 777
 |||
 Sbjct 718 ATGGTAGCATTAGTTGTAGCATTTTCCGTTAAGTCTTGTAAATTCCACTGAATTTAT 777

Query 778 CATTTTGTAAAGttttttCCACATGGTAGCATCCAGTTTGTGTAATTTACCATTTTAAC 837
 |||
 Sbjct 778 CATTTTGTAAAGTTTTTTCCACATGGTAGCATCCAGTTTGTGTAATTTACCATTTTAAC 837

Query 838 TCTTAATTCACCATTTAATGTTAATTCACATTTAATTCATTAACGCTCACAAGTGTT 897
 |||
 Sbjct 838 TCTTAATTCACCATTTAATGTTAATTCACATTTAATTCATTAACGCTCACAAGTGTT 897

Query 898 AGATATTTTATTGAAAAATTATAAGAAAATATCTAATCGGGTCGAAACAAGTACTTATT 957
 |||
 Sbjct 898 AGATATTTTATTGAAAAATTATAAGAAAATATCTAATCGGGTCGAAACAAGTACTTATT 957

Query 958 CGCCTATTTTCGATACGTAAACCGGAAAAGATATTTGGCGTCAGTTTACCTATCATA- 1016
 |||
 Sbjct 958 CGCCTATTTTCGATACGTAAACCGGAAAAGATATTTGGCGTCAGTTTACCTATCATAA 1017

Query 1017 CGATCTTTT-CGAAFAACGGACGTTGCAATTACTCTTATGG-ATA-CTCTTCGAAAATT 1073
 |||
 Sbjct 1018 CGATTTTTTCAAAFAACGGACGTTGCAATTACTCTTATGGGATAACTCTTCGAAAATT 1077

Query 1074 CGGTCGAAACAACACTACTTATTCGCCTATTTCCGATAGATGTGTTCAAGAAAATGGGACC 1133
 |||
 Sbjct 1078 CGGTCGAAACAACACTACTTATTCGCCTATTTCCGATAGATGTGTTCAAGAAAATGGGACC 1137

Query 1134 ACTAAATTGATTCAAAGGGAGTATTTAGGAGTAATTATGTTGACAAAATTATATTGAAC 1193
 |||
 Sbjct 1138 ACTAAATTGATTCAAAGGGAGTATTTAGGAGTAATTATGTTGACAAAATTATATTGAAC 1197

Query 1194 TAATAGCTATGGTGATGCTTGTTCAAATTCAGTATTTGTACAATCATAAAGTTTCTTG 1253
 |||
 Sbjct 1198 TAATAGCTATGGTGATGCTTGTTCAAATTCAGTATTTGTACAATCATAAAGTTTCTTG 1257

Query 1254 ATCACATTTCCaaaaatgaaatthaagtgcaaaaaatataataaaaaattgaca 1313
 |||
 Sbjct 1258 ATCACATTTCCAAAAATGAAATTTAAGTGCAAAAAATATGTAATATAAAATTTGACA 1317

Query 1314 agtctaatttaaaattTCACTAAtttttttAATAAACGAAATACAACATAATATACT 1373
 |||
 Sbjct 1318 AGTCTAATTTAAAATTTCACTAATTTTTTTAATAAACGAAATACAACATAATATATT 1377

Query 1374 TTTATTGAGATATATTTTGTGAAATTTAATTTAAATGTCACCACTATAAATTTGTAATAA 1433
 |||
 Sbjct 1378 TTTATTGAGATATATTTTGTGAAATTTAATTTAAATGTCACCACTATAAATTTGTAATAA 1437

Query 1434 TACATATAGTTGATTTAGTTACATTTATTAGACCTTCTAGCAGCATAATTAAAAATTATAC 1493
|||||
Sbjct 1438 TACATATAGTTGATTTAGTTACATTTATTAGACCTTCTAGCAGCATAATTAAAAATTATAC 1497

Query 1494 TAAAGTTTTTCTGAGATAGGATCTAATGATATTTCTCATATGCCGGCCATGCAACCAA 1553
|||||
Sbjct 1498 TAAAGTTTTTCTGAGATAGGATCTAATGATATTTCTCATATGCCGGC-ATGCAACCAA 1556

Query 1554 ATAAAGTGTACTATATAAATTACTAAAGTAGCGGCATTTTTTAATGTTGCAAAAAGAAA 1613
|||||
Sbjct 1557 ATAAAGTGTACTATATAAATTACTAAAGTAGCGGCATTTTTTAATGTTGCAAAAAGAAA 1616

Query 1614 ATTTTGTTTAGTGACGGTCTTATAGCTCTATTGGGCTGACATATGTACATTTAGTGTGAA 1673
|||||
Sbjct 1617 ATTTTGTTTAGTGACGGTCTTATAGCTCTATTGGGCTGACATATGTACATTTAGTGTGAA 1676

Query 1674 ATGATCACTTATAATTTTAAAGTAATGCAATTACAGAGTGACTTGTTTACAATGAATTTG 1733
|||||
Sbjct 1677 ATGATCACTTATAATTTTAAAGTAATGCAATTACAGAGTGACTTGTATAACAATGAATTTG 1736

Query 1734 GGTTTTTGTCTTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCA 1793
|||||
Sbjct 1737 GGTTTTTGTCTTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCA 1796

Query 1794 GATGAAAATAAAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGT 1853
|||||
Sbjct 1797 GATGAAAATAAAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGT 1856

Query 1854 AACATGAAAAGGTTTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCAATTATACAGAAAATTATACC 1913
|||||
Sbjct 1857 AACATGAAAAGGTTTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCAATTATACAGAAAATTATACC 1916

Query 1914 GTTGGTGGTCTTCGTATCATACTTATTGCGCAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCT 1973
|||||
Sbjct 1917 GTTGGTGGTCTTCGTATCATACTTATTGCGCAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCT 1976

Query 1974 AAAGACGTATTCATGTCATAGATTGGAATCAATCTTTCAATTTCCAAAACATATGTC 2033
|||||
Sbjct 1977 AAAGACGTATTCATGTCATAGATTGGAATCAATCTTTCAATTTCCAAAACATATGTC 2036

Query 2034 ACATTTAAAGGAAATAATGGAAAATATTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGT 2093
|||||
Sbjct 2037 ACATTTAAAGGAAATAATGGAAAATATTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGT 2096

Query 2094 CTACAATTTGGGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGGTGGCTCATCAAATGTTTGTCACT 2153
|||||
Sbjct 2097 CTACAATTTGGGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGGTGGCTCATCAAATGTTTGTCACT 2156

```

Query 2154 TCTAATGGTACTATTTGCATTAAATCCAATTATATGAACAAGTTTTGGAGACTCTCTACG 2213
          |||
Sbjct 2157 TCTAATGGTACTATTTGCATTAAATCCAATTATATGAACAAGTTTTGGAGACTCTCTACG 2216

Query 2214 GATAATTGGATATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAAGCTGCTCGGTTG 2273
          |||
Sbjct 2217 GATAATTGGATATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAAGCTGCTCGGTTG 2276

Query 2274 TTTAGGTCGGATGTGCATGATTTTAAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATGCAAAAAATTGG 2333
          |||
Sbjct 2277 TTTAGGTCGGATGTGCATGATTTTAAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATGCAAAAAATTGG 2336

Query 2334 TTTATTAAGAGATTTACGAGTGGTAAGCCTGAGTTTATAAATGTATGAATGCAGCTACT 2393
          |||
Sbjct 2337 TTTATTAAGAGATTTACGAGTGGTAAGCCCGAGTTTATAAATGTATGAATGCAGCTACT 2396

Query 2394 CAAATGTTGATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAA 2450
          |||
Sbjct 2397 CAAATGTTGATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAA 2453

```

Dĺžka sekvencií, podobnosť a prekrytie génov laskavcov v porovnaní s predchádzajúcimi výsledkami zostala nezmenená. Odlišnosť sa preukázala na úrovni hodnôt celkových a maximálnych výsledkov.

AF401479.1 *Amaranthus caudatus* agglutinin gene, complete cds

Dĺžka = 2631

Výsledky = 2809 bits (3114), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 1696/1780 (96%), úsek = 40/1780 (2%)

Reťazec = Plus/Plus

```

Query 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGGAGTACTTAAGA 60
          |||
Sbjct 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGAAGTACTTAAGA 60

Query 61 TATCAAAGTGATAATATCAACAATATGGTCTTCTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120
          |||
Sbjct 61 TATCAAAGTGATAATATCAACAATATGGTCTTCTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120

Query 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCCACATC 180
          |||
Sbjct 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCCACATC 180

Query 181 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGTACGTTTTTTTTTCGCGTTTATACTTCC 240
          |||
Sbjct 181 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGTACGTTTTTTTTTCGCGTTTATACTTCC 240

```


Query 241 TCCGTTTCAATATTAGGTCGCAATATATATCGAAAATAAACACTATTCACTTATCTCCTTTA 300
|||||
Sbjct 241 TCCGTTTCAATATA--GTCGCAATATATATCGAAAATAAACACTATTCACTTATCTCCTTTA 298

Query 301 ATTTGTGATTGATAAGTAATTTATAAGTTAAAACATAGTCAACTGAGATCTTGTGTTGATT 360
|||||
Sbjct 299 ATTTGTGATTGATAAGTAATTTATAAGTTAAAACATAGTCAACTGAGATCTTGTGTTGATT 358

Query 361 CATCTCGACGTAAAAGattattaatatacaaatTTTTataattttatattat-cataattgt 419
|||||
Sbjct 359 CATCTCGACGTAAAAGATTATTAATATCAAATTTTATAATTTATATTATACATAATTGT 418

Query 420 agttattaatgatgaattaAAGCATTAGACTGCGTGAAAAGACATATGTTGTAAGTAT 479
|||||
Sbjct 419 AGTTATTAATGATGAATTAGTACATTAGACTGCGTGAAAAGGCATATGTTGTAAGTAT 478

Query 480 TTTGGAACGAAGGTAGTATTATATTTCTTCTGTTAGTCTATTTAAA-TTGCEATATTTA 538
|||||
Sbjct 479 TTTGGAACGAAGGTAGTATTATATTTCTTCTGTTAGTCTATTTAAAATTGCEATATTTA 538

Query 539 AATTAATATTTAAGatttttGGGTATATGTTTCAA-TTCTGGAGTGAGTACGTACT 597
|||||
Sbjct 539 AATTAATATTTAAGATTTTTTGAGTTACATGTTTCAAATTTCTGGAGTGAGTACGTACT 598

Query 598 TTAAG-ATACTTTTGTACTAGCAACCATTTGATTGACATAATTAATAAATGGGAAATTCC 656
|||||
Sbjct 599 TTAAGTATACCTTTTGTACTAGCTACCATTTGATTGACATAATTAATAAATGGGAAATTCC 658

Query 657 ACATGGTAGCATCCAGTTTGTGATGAAATGACAGTGGTGACACTTTTTAAGAAAATTCCA 716
|||||
Sbjct 659 ACATGGTAGCATCTAGTTTGTGATGAAATGCCAGTGGTGACACTTTTTAAGAAAATTCCA 718

Query 717 CATGGTAGCATTTCAGTT-----GTAGCATTTCGGTTAAGTCTCTG 757
|||||
Sbjct 719 CATGCTAGCATTTCAGTTTATACACTATCTAATTGCCGTAGCATTTTCGGTTAAGTCTCTG 778

Query 758 TTAAATCCCACTAAATTTATCATTTTGTAGttttttCCACATGGTAGCATCCAGTTT 817
|||||
Sbjct 779 TTAAATCCCACTAAATTTATCATTTTGTAGTTTTTTCCACATGGTAGTATCCAGTTT 838

Query 818 TGTTAATTTTACCATTTTAACCTTAATTCACCATTTTAAATGTTTAAATCACTATTTAATT 877
|||||
Sbjct 839 TGTTAATTTTATCATTTTAACTCTTAATTCACCATTTTAAATGTTTAAATCACTATTTAATT 898

Query 878 CATTACGCTCACAAGTGTAGATATTTTATTGAAAATAATAAGAAAATACTAATCG 937
|||||
Sbjct 899 CATTACGCTCATAAGTGTAGATATTTTATTGAAAATAATAAGAACTATCTAATCG 958

Query 938 GGTCGAAACAAGTACTTATTCGCCTATTTTCGATACGTAAACCGGAAAAGATATTTGGC 997
|||||
Sbjct 959 GGTCGAAACAAGTACTTATTCGCCTATTTTCGATACGTAAACCGGAAAAGATATTTGGC 1018

Query 998 GTCAGTTTACCTATCAT-ACGA-TCTTTTCGAAAAACGGACGTTGCAATTACTCTTAT- 1054
|||||
Sbjct 1019 GTCATTTTACCTATCATAACGATTTTTTTCAATAAACGGACGTTGCAATTACCCTTATG 1078

Query 1055 GGAT-ACTCTTTCGAAAATTCGGTCGAAACAAGTACTTATTCGCCTATTTCCGATAGAT 1113
|||||
Sbjct 1079 GGATAACTCTTTCGAAAATTCGGTCGAAACAAGTACTTATTCGCCTATTTCCGATAGAT 1138

Query 1114 GTGTTCAAGAAAATGGGACCCTAAATGATTCAAAGGGAGTATTTAGGAGTAATTATGT 1173
|||||
Sbjct 1139 GTGTTCAAGAAAATGGGACAACTAAATAGATTTCAGAGGGAGTATTTCCGAGTAATTATGT 1198

Query 1174 TGACAAAATTATTTTGAAGTAATAGCTATGCTGATGCTTGTCAATTTCACTGATTTTG 1233
|||||
Sbjct 1199 TGACAAAATTATTTTGAAGTAATAGCTATGCTGATGCTTGTCAATTTCACTGATTTTG 1258

Query 1234 TACAATCATAAAGTTTCTTGATCACATTTCC-aaaaaatgaaatttaagtggcaaaaaat 1292
|||||
Sbjct 1259 TACAATCATAAAGTTTCTTGATCACATTTCCAAAAAATGAAAGTTAAGTGCAAAAAAT 1318

Query 1293 atgtaaatataaaatttgacaagctaatTTAAATTTCACTAAttttttAATAAAA 1352
|||||
Sbjct 1319 ATGTGAATATAAAATTTGACAAGCTAATTTAAATTTCACTAATTTTTTAATAAAA 1378

Query 1353 CGAAATACAACATAATATACTTTTATTGAGATATATTTTGTGAAATTTAATTTAAATGTC 1412
|||||
Sbjct 1379 CGAAATACAACATAATATACTTTTATTGAGATATATTTTGTGAAATTTAATTTAAATGTC 1438

Query 1413 ACCACTATAAATTTGTAATAATACATAAGTTGATTTAGTTACATTTATTAGACCTTCTA 1472
|||||
Sbjct 1439 ACCACTATAAATTTGTAATGGTACATAAGTTGATTTAGTTACATTTATTAGACCTTCTA 1498

Query 1473 GCAGCATAATAAAATTATACTAAAGTTTTTCCTGAGATAGGATCTAATGATATTTCTC 1532
|||||
Sbjct 1499 GCTGCATAATAAAATCATACTAAAGCTTTTTCTGAGATAGAATCTAATGATATTTCTC 1558

Query 1533 ATATGCCGGCCATGCAACCAAATAAAGTGTTACTATATAAATTAATAAAGTAGCGGACAT 1592
|||||
Sbjct 1559 ATATGCCGG-CATGCAACCAAATAAAGTGTTACTATATAAATTAATAAAGTAGCGGACAT 1617

Query 1593 TTTTAAATGTTGCAAAAAGAAAATTTGTTTAGTGACGGCTTATAG-----CTCTA 1643
|||||
Sbjct 1618 TTTTAAATGTTGCAAAAAGAAAATTTGTTTAGTGACGGCTTATAGTGTGACTATCTCTA 1677

Query 1644 TTGGGCTGACATATGTACATTAGTGTGAATGATCACTTATAATTTTAAASTAATGCA 1703

Sbjct 1678 TTGGGCAGACATATGTACATTAGTATGAATGATCACTTATAATTTTAAASTAATACAA 1737

Query 1704 TTACAGAGTGACTTGTTTACAATGAATTTGGGTTTTGTC 1743

Sbjct 1738 TTACAGAGTGACTTGTTTACAATGAATTTGTGTTTTGTC 1777

Výsledky = 1258 bits (1394), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 717/729 (99%), úsek = 1/729 (0%)

Ret'azec = Plus/Plus

Query 1722 ACAATGAATTTGGGTTTTGTCTTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCA 1781

Sbjct 1904 ACAA-GAATTTGCCTTTTTGTCTTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCA 1962

Query 1782 GCCAATGAACCAGATGAAAATAAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCCTTTAC 1841

Sbjct 1963 GCCAATGAACCAGATGAAAATAAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCCTTTAC 2022

Query 1842 GTAGAAGAAGGTAACATGAAAAAGTTTCGACTTTTGACGTCCTAATTAGGTCAATTATACA 1901

Sbjct 2023 GTAGAAGAAGGTAACATGAAAAAGTTTCGACTTTTGACGTCCTAATTAGGTCAATTATACA 2082

Query 1902 GAAAATTAACCGTTGGTGGGTCCTTCGTATCATACTTATTGCGCAATCAAGTCAAATT 1961

Sbjct 2083 CAGAATTAACCGTTGGTGGGTCCTTCGTATCATACTTATTGCGCAATCAAGTCAAATT 2142

Query 1962 GATACCGGCTCTAAAGACGTATTCATGTCATAGATTGGAAATCAATCTTTCAATTTCCC 2021

Sbjct 2143 GATACCGGCTCTAAAGACGTATTCATGTCATAGATTGGAAATCAATCTTTCAATTTCCC 2202

Query 2022 AAAACATATGTCACATTTAAAGGAAATAATGGAAATATTAGGGTTATCACAATTAAT 2081

Sbjct 2203 AAAAGATATGTCACATTTAAAGGAAATAATGGAAATATTAGGGTTATCACAATTAAT 2262

Query 2082 CAACTTCCATGTCTACAATTTGGGTATGATAATCTTAATGATCAAAGGTGCTCATCAA 2141

Sbjct 2263 CAACTTCCATGTCTACAATTTGGGTATGATAATCTTAATGATCAAAGGTGCTCATGAA 2322

Query 2142 ATGTTTGCACTTCTAATGGTACTATTTGCATTAATCCAAATATATGAACAAGTTTGG 2201

Sbjct 2323 ATGTTTGCACTTCTAATGGTACTATTTGCATTAATCCAAATATATGAACAAGTTTGG 2382

Query 2202 AGACTCTACGGATAATTGGATATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAACTAATGAA 2261

Sbjct 2383 AGACTCTACGGATGATTGGATATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAACTAATGAA 2442

Query 2262 GGTGCTGCGTGTGGTTAGGTCCGGATGTGCATGATTTTAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATG 2321
 |||||
 Sbjct 2443 GGTGCGAGCGTGTGGTTAGGTCCAGATGTGCATGATTTTAATGTGATTTTCGCTTTTGAACATG 2502

Query 2322 CAAAAAATCTGGTTTATTAAGAGATTTACGAGTGGTAAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATG 2381
 |||||
 Sbjct 2503 CAAAAAATCTGGTTTATTAAGAGATTTACGAGTGGTAAAGCCTGGGTTTATAAATTGTATG 2562

Query 2382 AATGCAGTACTCAAATTGTTGATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCC 2441
 |||||
 Sbjct 2563 AATGCAGTACTCAAATGTTGATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCC 2622

Query 2442 AACAACTAA 2450
 |||||
 Sbjct 2623 AACAACTAA 2631

Výsledky = 66.2 bits (72), očakávanie = 1e-06

Zhodnosť = 39/41 (96%), úsek = 0/41 (0%)

Referazec = Plus/Plus

Query 933 AATCCGGTTCGAAACAAGTACTTATTCGGCTATTTTCGATA 973
 |||||
 Sbjct 1095 AATCCGGTTCGAAACAAGTACTTATTCGGCTATTTTCGATA 1135

Pri porovnávaní génu prístupové číslo Z11577.1 bola zistená najvyššia zhodnosť s AmA1 génom láskavca červenoklasého.

Z11577.1 *A.hypochoedriacus* mRNA for seed specific protein of balanced nutritional quality

Dĺžka = 1183

Výsledky = 1458 bits (1616), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 808/808 (100%), úsek = 0/808 (0%)

Referazec = Plus/Plus

Query 1744 TTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCAGATGAAAATA 1803
 |||||
 Sbjct 255 TTAGGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCAGATGAAAATA 314

Query 1804 AAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGTAACATGAAAA 1863
 |||||
 Sbjct 315 AAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGTAACATGAAAA 374

Query 1864 AGGTTGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTATACAGAAAATTATACCGTTGGTGGGT 1923
 |||||
 Sbjct 375 AGGTTGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATTATACAGAAAATTATACCGTTGGTGGGT 434

Query 1924 CCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCTAAAGACGTAT 1983
 |||
 Sbjct 435 CCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCTAAAGACGTAT 494

Query 1984 TCCATGTCATAGATTGGAAATCAATCTTTCAATTTCCAAAACATATGTCACATTTAAAG 2043
 |||
 Sbjct 495 TCCATGTCATAGATTGGAAATCAATCTTTCAATTTCCAAAACATATGTCACATTTAAAG 554

Query 2044 GAAATAATGGAAAATATTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGTCTACAATTTG 2103
 |||
 Sbjct 555 GAAATAATGGAAAATATTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGTCTACAATTTG 614

Query 2104 GGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGGTGGCTCATCAAATGTTGTCACCTTCTAATGGTA 2163
 |||
 Sbjct 615 GGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGGTGGCTCATCAAATGTTGTCACCTTCTAATGGTA 674

Query 2164 CTATTTGCATTAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTCTACGGATAAATTGGA 2223
 |||
 Sbjct 675 CTATTTGCATTAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTCTACGGATAAATTGGA 734

Query 2224 TATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAAGCTGCTGCGTTGTTAGGTCGG 2283
 |||
 Sbjct 735 TATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAAGCTGCTGCGTTGTTAGGTCGG 794

Query 2284 ATGTGCATGATTTTAAATGTGATTTGCTTTTGAACATGCAAAAACTTGGTTTATTAAGA 2343
 |||
 Sbjct 795 ATGTGCATGATTTTAAATGTGATTTGCTTTTGAACATGCAAAAACTTGGTTTATTAAGA 854

Query 2344 GATTTACGAGTGGTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACTCAAATTGTTG 2403
 |||
 Sbjct 855 GATTTACGAGTGGTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACTCAAATTGTTG 914

Query 2404 ATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAATATTGGATTGC 2463
 |||
 Sbjct 915 ATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAATATTGGATTGC 974

Query 2464 TTTTAAGATTCAAATTAAGTCTAGTTGTTAATGTAAGGAATAAACGTTGTAAGTCGTC 2523
 |||
 Sbjct 975 TTTTAAGATTCAAATTAAGTCTAGTTGTTAATGTAAGGAATAAACGTTGTAAGTCGTC 1034

Query 2524 TCTTTGGAACAAGAGGTTCTTCCTTG 2551
 |||
 Sbjct 1035 TCTTTGGAACAAGAGGTTCTTCCTTG 1062

Výsledky = 381 bits (422), očakávanie = 1e-101

Zhodnosť = 213/214 (99%), úsek = 0/214 (0%)

Ret'azec = Plus/Plus

```
Query 1 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGGAGTACTTAAGA 60
      |||
Sbjct 47 ATGGCGGGATTACCAGTGATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCAGAAGTACTTAAGA 106

Query 61 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120
      |||
Sbjct 107 TATCAAAGTGATAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 166

Query 121 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 180
      |||
Sbjct 167 GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 226

Query 181 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGT 214
      |||
Sbjct 227 AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGT 260
```

Najnižšia hodnota maximálnych výsledkov spomedzi génov láskavcov sa preukázala pri analýze s génom láskavca chvostnatého aglutinín mRNA, prístupové číslo AY048755.1.

AY048755.1 *Amaranthus caudatus* agglutinin mRNA, complete cds

Dĺžka = 1205

Výsledky = 1397 bits (1548), očakávanie = 0.0

Zhodnosť = 796/809 (99%), úsek = 1/809 (0%)

Ret'azec = Plus/Plus

```
Query 1744 TTAGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCAGATGAAAATA 1803
      |||
Sbjct 261 TTAGTGGTCTCCCAATCATTATTGGATTACAGCATCAGCCAATGAACCAGATGAAAATA 320

Query 1804 AAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGTAACATGAAAA 1863
      |||
Sbjct 321 AAAGCAATTGGGCATGCACATTATTCAAACCACTTTACGTAGAAGAAGGTAACATGAAAA 380

Query 1864 AGGTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATATACAGAAAATTATACCGTTGGTGGGT 1923
      |||
Sbjct 381 AGGTCGACTTTTGCACGTCCAATTAGGTCATATACACAGAATTATACCGTTGGTGGGT 440

Query 1924 CCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCTAAAGACGTAT 1983
      |||
Sbjct 441 CCTTCGTATCATACTTATTTGCCGAATCAAGTCAAATTGATACCGGCTCTAAAGACGTAT 500
```

```

Query 1984 TCCATGTCATAGATTGGAAATCAATCTTCAATTCCCAAACATATGTCACATTTAAAG 2043
          |||
Sbjct 501 TCCATGTCATAGATTGGAAATCAATCTTCAATTCCCAAAGATATGTCACATTTAAAG 560

Query 2044 GAAATAATGAAAAATTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGTCTACAATTG 2103
          |||
Sbjct 561 GAAATAATGAAAAATTTAGGGTTATCACAATTAATCAACTTCCATGTCTACAATTG 620

Query 2104 GGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGTGGCTCATCAAATGTTGTCACCTTCTAATGGTA 2163
          |||
Sbjct 621 GGTATGATAATCTTAATGATCCAAAGTGGCTCATGAAATGTTGTCACCTTCTAATGGTA 680

Query 2164 CTATTGTCATTAAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTCTACGGATAATTGGA 2223
          |||
Sbjct 681 CTATTGTCATTAAATCCAATTATATGAACAAGTTTGGAGACTCTCTACGGATATTGGA 740

Query 2224 TATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAAGCTGCTGCGTGTGTTAGGTCGG 2283
          |||
Sbjct 741 TATTAGTCGATGGGAATGATCCTCGCGAAACTAATGAAGCTGCGAGCGTGTGTTAGGTCAG 800

Query 2284 ATGTGCATGATTTAATGTGATTCGCTTTTGAACATGCAAAAACTGGTTTATTAAGA 2343
          |||
Sbjct 801 ATGTGCATGATTTAATGTGATTCGCTTTTGAACATGCAAAAACTGGTTTATTAAGA 860

Query 2344 GATTTACGAGTGGTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACTCAAATGTTG 2403
          |||
Sbjct 861 GATTTACGAGTGGTAAGCCTGAGTTTATAAATTGTATGAATGCAGCTACTCAAATGTTG 920

Query 2404 ATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAATATATTGGATTGC 2463
          |||
Sbjct 921 ATGAAACTGCTATTTTAGAGATAATAGAATTGGGATCCAACAATAATATATTGGATTGC 980

Query 2464 TTTTAAG-ATTCAAATTAAAGCTAGTTGTTAATGTAAGGAATAAAACGTTGTAAGTCGT 2522
          |||
Sbjct 981 TTTTAAGAAATCAAATTAAAGCTAGTTGTTAATGTAAGGAATAAAACGTTGTAAGTCGT 1040

Query 2523 CTCTTTGAAACAGAGAGGCTTCTTCCTTG 2551
          |||
Sbjct 1041 CTCTTTGAAACAGAGAGGCTTCTTCCTTG 1069

```

Výsledky = 378 bits (418), očakávanie = 1e-100

Zhodnosť = 212/214 (99%), úsek = 0/214 (0%)

Ref'azec = Plus/Plus

```

Query 1 ATGGCGGGATTACCAAGTATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCCAGGAGTACTTAAGA 60
          |||
Sbjct 53 ATGGCAGGATTACCAAGTATTATGTGCCTAAAATCAAATAACAACCCAGGAGTACTTAAGA 112

```

```

Query 61  TATCAAAGTGATAAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 113  TATCAAAGTGATAAATATTCAACAATATGGTCTTCTTCAATTTTCAGCTGATAAGATTTTA 172

Query 121  GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 173  GATCCATTAGCTCAATTTGAAGTCGAACCTTCCAAGACTTATGATGGTCTTGTTCACATC 232

Query 181  AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGT 214
          ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct 233  AAATCTCGCTACACTAACAAATATTTGGTTAGGT 266

```

Zistené prekrytie AmA1 génu láskavca s genómom špenátu prístupové číslo S45033.1 sa prejavilo na 6 % a maximálna podobnosť na 71%.

S45033.1 rubisco activase, ribulosebiphosphate carboxylase/oxygenase activase {alternatively spliced} [spinach, Genomic, 3691 nt]

Dĺžka = 3691

Výsledky = 86.0 bits (94), očakávanie = 1e-12

Zhodnosť = 128/178 (72%), úsek = 3/178 (1%)

Reťazec = Plus/Plus

```

Query 322  TATAAGTTAAAACATAGTCAACTGAGATCTTGTTTGATTCATCTCGACGTAAGattatt 381
          ||| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Sbjct 376  TATAAGATAAAAACATAATCATGTGAGATCTTGTTAGATTCGTCTCAATGTGTATTTCAA 435

Query 382  aatatcaaatTTTTataa-ttttatattatcataattgtagttattaatgattgaattaA 440
          || | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Sbjct 436  AACATCAACTTTTATAATTTTGCATAAAGAAAATTAAGATATAAATGATCAAAGTTG 495

Query 441  AGCATTAGAC-TGCGTGAAAAGACATATGTTGTAAGTATTTTGGAACGAAGGTAGTA 497
          || | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Sbjct 496  TGCATT-GACATGCGTGAAACTAATGAATGTTGCGAGTATTA AAAAACGGGGAAGTA 552

```

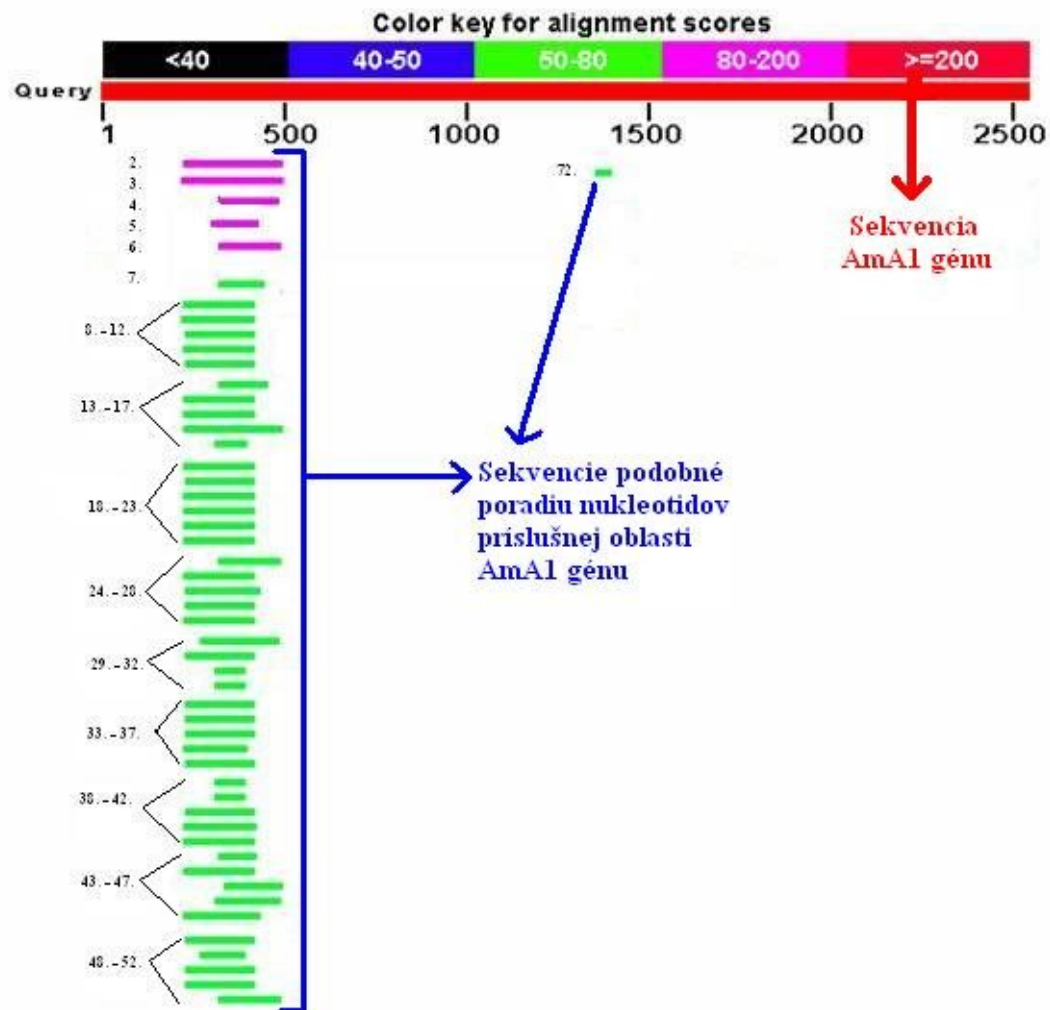
Legenda:Obdĺžnikmi vyznačené poradia nukleotidov zobrazujú nájdené rozdiely v sekvenciách oboch porovnávaných génov.

Okrem uvedených podobností bola zistená i podobnosť AmA1 génu prístupové číslo AF491291 s genóm norka, kde sa prejavila podobnosť na úrovni 92 % pri dĺžke sekvencie 149 a s genóm včely s podobnosťou 71 % s dĺžkou sekvencie 1429. Nakoľko sa nejedná o druhy rastlinného pôvodu, nie sú zaradené medzi výsledky genomickej analýzy. Analýza predstavuje názorné zobrazenie potreby umiestnenia prajmerov, ak je požadovaná špecifická alebo nešpecifická PCR.

4.1.3 Genomická analýza podobnosti AmA1 génu v NCBI databáze technikou „Somewhat similar sequences“

Analýzou „Somewhat similar sequences“ bolo zistených 110 sekvencií génov trochu podobných génu láskavca červenoklasého AmA1. Z celkového počtu 110 bolo do výsledkov analýzy zahrnutých 81, nakoľko zvyšných 29 génov nemalo rastlinný charakter. Jednalo sa najmä o gény druhu *Bombyx mandarina* L., najbližšieho voľne žijúceho príbuzného priadky morušovej, znova sa objavila podobnosť s génmi malárie a akváriovej rybičky danio pásikavé. Nasledujúci graf (Obr.5) znázorňuje sekvencie menovite popísané v legende pod obrázkom.

Obr. 5 Grafické zhrnutie vygenerovaných sekvencií trochu podobných AmA1 génu



Legenda:

2. *Beta vulgaris* chromosome 9 clone BAC62 genomic sequence – Repa obyčajná

-
3. *Beta vulgaris partial vi2 gene for beta-fructofuranosidase, exon 3* - Repa obyčajná
 4. *Beta vulgaris chromosome 9 clone BAC33 genomic sequence* - Repa obyčajná
 5. *Amaranthus tricolor AmCMO gene for choline monooxygenase, complete cds* –
Láskavec trojfarebný
 6. *rubisco activase, ribulosebisphosphate carboxylase/oxygenase activase {alternatively
spliced} [spinach, Genomic, 3691 nt]* – rubisco enzým špenátu
 7. *Beta vulgaris clone SB3, complete sequence* – Repa obyčajná
 8. *M.truncatula DNA sequence from clone MTH2-44F3 on chromosome 3, complete
sequence*
 9. *M.truncatula DNA sequence from clone MTH2-91G18 on chromosome 3, complete
sequence* - Lucerna
 10. *Medicago truncatula clone mth2-74f16, complete sequence* - Lucerna
 11. *Medicago truncatula chromosome 5 clone mte1-58c24, COMPLETE SEQUENCE* -
Lucerna
 12. *Medicago truncatula chromosome 8 clone mth2-145p10, complete sequence* -
Lucerna
 13. *Beta vulgaris clone BAC ZR-47B15, complete sequence* - Lucerna
 14. *Medicago truncatula chromosome 5 clone mth2-55i14, COMPLETE SEQUENCE* -
Lucerna
 15. *Medicago truncatula clone mth2-32h4, complete sequence* - Lucerna
 16. *Medicago truncatula clone mth2-12p19, complete sequence* - Lucerna
 17. *Medicago truncatula clone mth1-63a17, complete sequence* - Lucerna
 18. *Medicago truncatula chromosome 8 clone mth2-92k14, complete sequence* -
Lucerna
 19. *Medicago truncatula chromosome 8 clone mth2-15o11, complete sequence* -
Lucerna
 20. *Medicago truncatula clone mth2-20n3, complete sequence* - Lucerna
 21. *Medicago truncatula clone mth1-23l16, complete sequence* - Lucerna
 22. *Medicago truncatula clone mth2-180n9, complete sequence* - Lucerna
 23. *Medicago truncatula clone mth2-24i7, complete sequence* - Lucerna
 24. *Beta vulgaris chromosome 9 clone BAC123 genomic sequence* – Repa obyčajná
-

-
25. *Medicago truncatula* clone *mth2-47116*, complete sequence - Lucerna
 26. *Medicago truncatula* clone *mth2-27d20*, complete sequence - Lucerna
 27. *Medicago truncatula* chromosome 5 clone *mth2-17416*, COMPLETE SEQUENCE - Lucerna
 28. *Medicago truncatula* clone *mth1-14n3*, complete sequence - Lucerna
 29. *Trifolium repens* clone BAC 113f04 bristled-like protein, ethylene insensitive-like protein, bZIP transcription factor, acyl-coA oxidase, and dehydration responsive element binding protein genes, complete cds; and unknown gene – Ďatelina plazivá
 30. *M.truncatula* DNA sequence from clone MTH2-174H2 on chromosome 3, complete sequence - Lucerna
 31. *Beta vulgaris* chromosome 9 clone BAC132 genomic sequence – Repa obyčejná
 32. *Beta vulgaris* chromosome 9 clone BAC137 genomic sequence – Repa obyčejná
 33. *Medicago truncatula* clone *mth2-7f22*, complete sequence - Lucerna
 34. *Medicago truncatula* clone *mth2-58k21*, complete sequence - Lucerna
 35. *Medicago truncatula* clone *mth2-5e21*, complete sequence - Lucerna
 36. *Medicago truncatula* clone *mth2-27n2*, complete sequence - Lucerna
 37. *Medicago truncatula* chromosome 7 clone *mte1-60d3*, complete sequence - Lucerna
 38. *Beta vulgaris* clone BAC SBI-153H13, complete sequence – Repa obyčejná
 39. *Beta vulgaris* pal gene for phenylalanine ammonia lyase, exons 1-2 – Repa obyčejná
 40. *Medicago truncatula* clone *mth2-21e10*, complete sequence - Lucerna
 41. *Beta vulgaris* chromosome 9 clone BAC33 genomic sequence – Repa obyčejná
 42. *Medicago truncatula* clone *mth2-31m6*, complete sequence - Lucerna
 43. *Medicago truncatula* clone *mth2-14e20*, complete sequence - Lucerna
 44. *Medicago truncatula* chromosome 2 clone *mth2-17k4*, complete sequence - Lucerna
 45. *Spinacia oleracea* betaine aldehyde dehydrogenase (BADH) gene, complete cds – Špenát siaty
 46. *M. truncatula* DNA sequence from clone MTH2-35P8 on chromosome 3, complete sequence - Lucerna
 47. *Medicago truncatula* chromosome 7 clone *mth2-93e11*, complete sequence - Lucerna
-

48. *Medicago truncatula* clone *mth2-89c9*, complete sequence - Lucerna
49. *Spinacia oleracea* DNA, 5' region of *BP31/SoRIP1* gene – Špenát siaty
50. *Medicago truncatula* chromosome 7 BAC clone *mth2-67b7*, complete sequence - Lucerna
51. *Medicago truncatula* chromosome 7 BAC clone *mth2-58i19*, complete sequence - Lucerna
52. *Medicago truncatula* chromosome 7 clone *mtel-45n16*, complete sequence - Lucerna
72. *Vitis vinifera*, whole genome shotgun sequence, contig *VV78X099246.24*, clone *ENTAV 115* – Vinič hroznorodý

Preklad:

Color key for alignment scores - farebný kľúč pre zoradenie výsledkov

Query – rozsah porovnávaných nukleotidov

Analýza trochu podobných sekvencií preukázala priemernú hodnotu maximálnej podobnosti na úrovni 71%, pričom najväčšia zistená hodnota je 96% a najmenšia hodnota predstavuje 67% podobnosti. Priemerné prekrytie AmA1 génu s porovnávanými génmi bolo zistené na 6%.

Tab.3 Zoradenie vygenerovaných sekvencií trochu podobných AmA1 génu

Por. č.	Názov - popis	Pristupové číslo	Max. stav	Celkový stav	Zistené prekrytie	Max. podobnosť	Podobnosť v nukleotidoch *
1.	<i>Amaranthus hypochondriacus</i> clone <i>AHAAC031</i> microsatellite sequence	EU094494.1	132	132	6%	77%	1358 - 1533
	Láskavec červenoklasý						
2.	<i>Beta vulgaris</i> chromosome 9 clone <i>BAC62</i> genomic sequence	DQ374025.1	125	125	10%	71%	232 - 505
	Repa obyčajná						
3.	<i>Beta vulgaris</i> partial <i>vi2</i> gene for beta-fructofuranosidase, exon 3	AJ277456.1	123	181	11%	72%	218 - 498
	Repa obyčajná						
4.	<i>Beta vulgaris</i> chromosome 9	DQ445145.1	122	122	6%	76%	330 - 497

	<i>clone BAC33 genomic sequence</i>						
	Repa obyčajná						
5.	<i>Amaranthus tricolor AmCMO gene for choline monoxygenase, complete cds</i>	AB303388.1	96,9	163	5%	81%	297 - 428
	Láskavec trojfarebný						
6.	<i>rubisco activase, ribulosebiphosphate carboxylase/oxygenase activase {alternatively spliced} [spinach, Genomic, 3691 nt]</i>	S45033.1	86	86	6%	71%	322 - 497
	Rubisco enzým špenátu						
7.	<i>Beta vulgaris clone SB3, complete sequence</i>	GU057342.1	84,2	207	5%	80%	319 - 403
	Repa obyčajná						
8.	<i>M. truncatula DNA sequence from clone MTH2-44F3 on chromosome 3, complete sequence</i>	CU571152.5	77	77	7%	70%	233 - 428
	Lucerna						
9.	<i>M.truncatula DNA sequence from clone MTH2-91G18 on chromosome 3, complete sequence</i>	CT943657.7	75,2	75,2	8%	70%	223 - 428
	Lucerna						
10.	<i>Medicago truncatula clone mth2-74f16, complete sequence</i>	AC153125.1 0	75,2	75,2	7%	70%	234 - 428
	Lucerna						
11.	<i>Medicago truncatula chromosome 5 clone mte1-58c24, COMPLETE SEQUENCE</i>	CR955005.2	75,2	75,2	7%	71%	233 - 428
	Lucerna						
12.	<i>Medicago truncatula chromosome 8 clone mth2-145p10, complete</i>	AC146590.2 5	75,2	75,2	7%	70%	234 - 428

	<i>sequence</i>						
	Lucerna						
13.	<i>Beta vulgaris</i> clone BAC ZR-47B15, complete sequence	FJ752587.1	73,4	73,4	5%	73%	330 - 463
	Repa obyčajná						
14.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 5 clone mth2-55i14, COMPLETE SEQUENCE	CU914136.1	73,4	73,4	7%	70%	232 - 428
	Lucerna						
15.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-32h4, complete sequence	AC140023.1 3	73,4	73,4	7%	70%	233 - 428
	Lucerna						
16.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-12p19, complete sequence	AC130801.1 6	73,4	73,4	10%	67%	230 - 505
	Lucerna						
17.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth1-63a17, complete sequence	AC1300275. 16	73,4	73,4	3%	79%	317 - 410
	Lucerna						
18.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 8 clone mth2-92k14, complete sequence	AC154090.1 9	73,4	128	7%	71%	234 - 428
	Lucerna						
19.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 8 clone mth2-15o11, complete sequence	AC137821.2 2	73,4	73,4	7%	70%	234 - 428
	Lucerna						
20.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-20n3, complete sequence	AC153120.2 3	71,6	71,6	7%	68%	231 - 429
	Lucerna						
21.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth1-23l16, complete sequence	AC119418.5	71,6	71,6	7%	68%	231 - 429
	Lucerna						

22.	<i>Medicago truncatula</i> clone <i>mth2-180n9</i> , complete sequence	AC202488.8	69,8	69,8	7%	69%	230 - 428
	Lucerna						
23.	<i>Medicago truncatula</i> clone <i>mth2-24i7</i> , complete sequence	AC202341.28	69,8	69,8	7%	69%	230 - 428
	Lucerna						
24.	<i>Beta vulgaris</i> chromosome 9 clone <i>BAC123</i> genomic sequence	DQ445142.1	69,8	69,8	6%	70%	330 - 498
	Repa obyčejná						
25.	<i>Medicago truncatula</i> clone <i>mth2-471i6</i> , complete sequence	AC157978.25	69,8	69,8	7%	69%	230 - 428
	Lucerna						
26.	<i>Medicago truncatula</i> clone <i>mth2-27d20</i> , complete sequence	AC142222.22	68	68	8%	68%	234 - 446
	Lucerna						
27.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 5 clone <i>mth2-174i6</i> , COMPLETE SEQUENCE	CU469562.1	68	68	7%	69%	234 - 428
	Lucerna						
28.	<i>Medicago truncatula</i> clone <i>mth1-14n3</i> , complete sequence	AC123571.8	68	68	7%	69%	230 - 428
	Lucerna						
29.	<i>Trifolium repens</i> clone <i>BAC 113f04</i> bristled-like protein, ethylene insensitive-like protein, bZIP transcription factor, acyl-coA oxidase, and dehydration responsive element binding protein genes, complete cds; and unknown gene	GU443966.1	66,2	66,2	8%	67%	278 - 497
	Ďatelina plazivá						

30.	<i>M.truncatula</i> DNA sequence from clone MTH2-174H2 on chromosome 3, complete sequence	CT971479.3	66,2	66,2	7%	69%	234 - 428
	Lucerna						
31.	<i>Beta vulgaris</i> chromosome 9 clone BAC132 genomic sequence	DQ445138.1	66,2	132	3%	76%	318 - 403
	Repa obyčajná						
32.	<i>Beta vulgaris</i> chromosome 9 clone BAC137 genomic sequence	DQ374077.1	66,2	66,2	3%	76%	318 - 403
	Repa obyčajná						
33.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-7f22, complete sequence	AC146630.2 5	66,2	66,2	7%	69%	234 - 428
	Lucerna						
34.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-58k21, complete sequence	AC146852.1 5	66,2	66,2	7%	69%	234 - 428
	Lucerna						
35.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-5e21, complete sequence	AC142232.1 0	66,2	66,2	7%	69%	234 - 428
	Lucerna						
36.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-27n2, complete sequence	AC119415.1 3	66,2	66,2	6%	70%	233 - 406
	Lucerna						
37.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 7 clone mte1-60d3, complete sequence	AC155881.2	66,2	66,2	7%	69%	234 - 428
	Lucerna						
38.	<i>Beta vulgaris</i> clone BAC SBI-153H13, complete sequence	FJ752586.1	64,4	64,4	3%	77%	318 - 403
	Repa obyčajná						
39.	<i>Beta vulgaris</i> pal gene for phenylalanine ammonia lyase, exons 1-2	810175.1	64,4	64,4	3%	77%	318 - 403
	Repa obyčajná						

40.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-21e10, complete sequence	AC153124.2 0	62,6	62,6	7%	68%	234 - 428
	Lucerna						
41.	<i>Beta vulgaris</i> chromosome 9 clone BAC33 genomic sequence	DQ374037.1	62,6	62,6	7%	68%	232 - 432
	Repa obyčajná						
42.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-31m6, complete sequence	AC123898.4	62,6	62,6	7%	69%	233 - 428
	Lucerna						
43.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-14e20, complete sequence	AC140722.1 1	62,6	62,6	4%	74%	325 - 432
	Lucerna						
44.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 2 clone mth2-17k4, complete sequence	AC148396.3	62,6	62,6	7%	69%	233 - 428
	Lucerna						
45.	<i>Spinacia oleracea</i> betaine aldehyde dehydrogenase (BADH) gene, complete cds	U69142.1	62,6	62,6	6%	70%	344 - 507
	Špenát siaty						
46.	<i>M.truncatula</i> DNA sequence from clone MTH2-35P8 on chromosome 3, complete sequence	CU651600.1 2	60,8	60,8	7%	68%	317 - 501
	Lucerna						
47.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 7 clone mth2-93e11, complete sequence	AC147482.2	60,8	60,8	8%	68%	233 - 446
	Lucerna						
48.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-89c9, complete sequence	AC152752.1 0	59	59	7%	69%	234 - 428
	Lucerna						
49.	<i>Spinacia oleracea</i> DNA, 5' region of BP31/SoRIP1 gene	AB435546.1	57,2	57,2	4%	71%	278 - 403
	Špenát siaty						

50.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 7 BAC clone mth2-67b7, complete sequence	AC155894.5	57,2	57,2	7%	68%	234 - 428
	Lucerna						
51.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 7 BAC clone mth2-58i19, complete sequence	AC186135.3	57,2	57,2	7%	68%	234 - 428
	Lucerna						
52.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 7 clone mte1-45n16, complete sequence	AC150776.2	57,2	57,2	6%	68%	325 - 498
	Lucerna						
53.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 5 clone mth2-77e10, COMPLETE SEQUENCE	FP700158.3	55,4	55,4	6%	68%	234 - 400
	Lucerna						
54.	Uncultured organism clone 1041059766463 genomic sequence	GQ874295.1	55,4	55,4	3%	76%	317 - 403
	nekultúrny klonovaný organizmus						
55.	<i>Silene latifolia</i> clone L141_16C3 satellite X.43.1 sequence	EU646244.1	55,4	55,4	3%	75%	324 - 403
	Silenka širokolistá						
56.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-145p15, complete sequence	AC174311.2 5	55,4	55,4	3%	78%	352 - 428
	Lucerna						
57.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 2 BAC clone mth2-77m24, complete sequence	AC169131.3	55,4	55,4	3%	76%	317 - 403
	Lucerna						
58.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-34m15, complete sequence	AC202500.5	55,4	55,4	7%	68%	232 - 428

	Lucerna						
59.	<i>M.truncatula</i> DNA sequence from clone MTH2-171E23 on chromosome 3, complete sequence	CU151874.1 3	55,4	55,4	2%	78%	346 - 420
	Lucerna						
60.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-95k24, complete sequence	AC153001.7	55,4	55,4	4%	72%	317 - 428
	Lucerna						
61.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-20g20, complete sequence	AC143339.1 2	55,4	55,4	3%	78%	352 - 428
	Lucerna						
62.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-21o24, complete sequence	AC141864.7	55,4	55,4	7%	68%	317 - 505
	Lucerna						
63.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-18l7, complete sequence	AC124961.1 9	55,4	55,4	4%	72%	317 - 428
	Lucerna						
64.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-103l4, complete sequence	AC153352.1 9	55,4	55,4	4%	72%	317 - 428
	Lucerna						
65.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-84c16, complete sequence	AC174300.4	55,4	55,4	7%	68%	317 - 505
	Lucerna						
66.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 5 clone mte1-4m19, COMPLETE SEQUENCE	FP017205.3	53,6	53,6	2%	76%	344 - 418
	Lucerna						
67.	<i>Beta vulgaris</i> chromosome 9 clone BAC62 genomic sequence	DQ374017.1	53,6	53,6	2%	75%	330 - 403
	Repa obyčajná						
68.	<i>Oryza sativa</i> Japonica Group chromosome 11 clone	AC138002.3	53,6	53,6	1%	96%	1325 - 1356

	<i>OSJNBb0011107</i> <i>map S10207,</i> <i>complete sequence</i>						
	Ryža siata japonská						
69.	<i>Medicago</i> <i>truncatula clone</i> <i>mth2-8f9,</i> <i>complete sequence</i>	AC136138.3 0	53,6	53,6	3%	76%	346 - 428
	Lucerna						
70.	<i>Dianthus</i> <i>caryophyllus</i> <i>arginine</i> <i>decarboxylase</i> <i>(gCARADC8)</i> <i>gene, complete cds</i>	AF002017.1	53,6	53,6	3%	75%	318 - 401
	Klinček záhradný						
71.	<i>Medicago</i> <i>truncatula clone</i> <i>mth2-23b18,</i> <i>complete sequence</i>	AC122171.2 4	51,8	51,8	7%	67%	234 - 428
	Lucerna						
72.	<i>Vitis vinifera,</i> <i>whole genome</i> <i>shotgun sequence,</i> <i>contig</i> <i>VV78X099246.24,</i> <i>clone ENTAV 115</i>	AM478803.1	51,8	51,8	1%	84%	1365 - 1410
	Vinič hroznorodý						
73.	<i>Beta vulgaris</i> <i>chromosome 9</i> <i>clone BAC123</i> <i>genomic sequence</i>	DQ374082.1	51,8	51,8	4%	71%	316 - 432
	Repa obyčajná						
74.	<i>Medicago</i> <i>truncatula clone</i> <i>mth2-1113,</i> <i>complete sequence</i>	AC122151.2 6	51,8	51,8	7%	67%	234 - 428
	Lucerna						
75.	<i>Medicago</i> <i>truncatula clone</i> <i>mth2-116k17,</i> <i>complete sequence</i>	AC149493.7	51,8	51,8	7%	67%	234 - 428
	Lucerna						
76.	<i>M.truncatula DNA</i> <i>sequence from</i> <i>clone MTH2-</i> <i>80114 on</i> <i>chromosome 3,</i> <i>complete sequence</i>	CU633449.1 2	50	50	2%	80%	346 - 403
	Lucerna						

77.	<i>M.truncatula</i> DNA sequence from clone MTH2-10O19 on chromosome 3, complete sequence	CT868735.12	50	50	7%	67%	234 - 427
	Lucerna						
78.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 8 clone mth2-28c18, complete sequence	AC169788.4	50	50	2%	80%	352 - 403
	Lucerna						
79.	<i>Medicago truncatula</i> chromosome 8 clone mth2-26b8, complete sequence	AC134967.2 0	50	50	2%	80%	352 - 403
	Lucerna						
80.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-32p10, complete sequence	AC135604.2 9	50	50	2%	76%	344 - 418
	Lucerna						
81.	<i>Medicago truncatula</i> clone mth2-15h5, complete sequence	AC151708.6	50	50	2%	80%	352 - 403
	Lucerna						

*poradie nukleotidov AmA1 génu, prístupové číslo AF49129.1

Nakoľko sú výsledky analýzy trochu podobných sekvencií veľmi rozsiahle, jednotlivé sekvencie neboli v predloženej práci použité. Napriek tomu bola sekvenciám venovaná pozornosť. Zo sekvencií bola sledovaná podobnosť nukleotidov, ktorej hodnoty boli následne použité pri výsledkoch zisťovania. Zistené údaje sú uvedené v poslednom stĺpci tabuľky č.3.

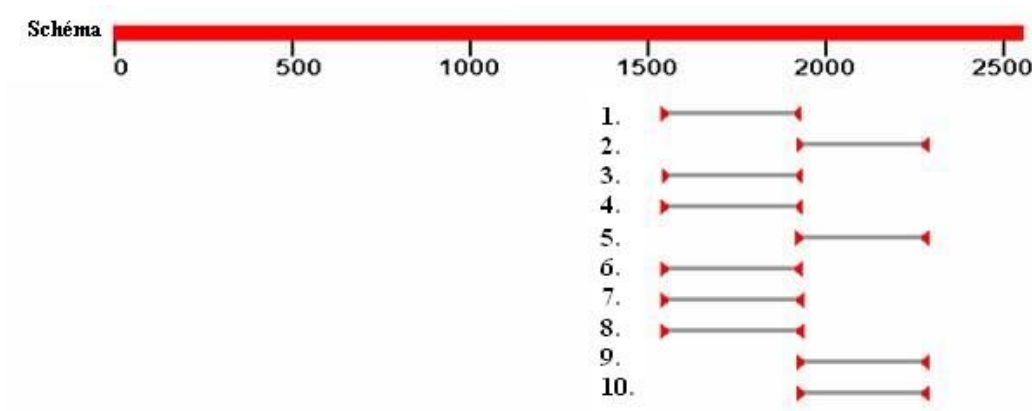
4.2 Genomická analýza metódou „Primer designing tool“

Výsledky návrhu prajmerov podľa vstupných podmienok I.

- celá nukleotidová sekvencia génu AmA1
- dĺžka PCR produktu 200 – 500 b.p. (bázové páry)
- teplota topenia prajmera 57 – 63 °C
- druhovo nešpecifikovaný prajmer,

boli spracované graficky (Obr.6) a pre číselné hodnoty návrhu prajmerov bola spracovaná tabuľka (Tab.4).

Obr. 6 Grafické zobrazenie miest naväzovania sa prajmerov



Pri návrhu prajmerov bola zistená priemerná dĺžka PCR produktu 388,3 a priemerná teplota topenia v tabuľke označená ako T_m je 58,22 °C.

Tab.4 Zoradenie párov prajmerov (1.-10.) vygenerovaných podľa vstupných podmienok I.

č.	Prajmer	Sekvencia	Dĺžka PCR produktu	Nukleotidy AmA1	T_m	GC%
1.	priamy	TGCCGGCCATGCAACCAAAT	395	1536 - 1555	58.06	55.00%
	spätný	ACGAAGGACCCACCAACGGT		1930 - 1911	57.91	60.00%
2.	priamy	ACCGTTGGTGGGTCCTTCGT	373	1911 - 1930	57.91	60.00%
	spätný	CCGACCTAAACAACGCAGCAGCT		2283 - 2261	60.00	56.52%
3.	priamy	ATGCCGGCCATGCAACCAAAA	396	1535 - 1554	58.06	55.00%
	spätný	ACGAAGGACCCACCAACGGTA		1930 - 1910	57.47	57.14%
4.	priamy	ATGCCGGCCATGCAACCAAAT	397	1535 - 1555	58.22	52.38%
	spätný	TACGAAGGACCCACCAACGGT		1931 - 1911	57.47	57.14%
5.	priamy	ACCGTTGGTGGGTCCTTCGTA	373	1911 - 1931	57.47	57.14%
	spätný	CCGACCTAAACAACGCAGCAGC		2283 - 2262	59.01	59.09%
6.	priamy	TATGCCGGCCATGCAACCAA	397	1534 - 1553	57.21	55.00%
	spätný	ACGAAGGACCCACCAACGGTAT		1930 - 1909	57.65	54.55%
7.	priamy	TCATATGCCGGCCATGCAACCA	402	1531 - 1552	59.21	54.55%
	spätný	ATACGAAGGACCCACCAACGGT		1932 - 1911	57.65	54.55%
8.	priamy	CATATGCCGGCCATGCAACCA	403	1532 - 1552	58.11	57.14%
	spätný	TGATACGAAGGACCCACCAACGGT		1934 - 1911	59.64	54.17%
9.	priamy	ACCGTTGGTGGGTCCTTCGTAT	374	1911 - 1932	57.65	54.55%
	spätný	TCCGACCTAAACAACGCAGCAGC		2284 - 2262	60.00	56.52%
10.	priamy	TACCGTTGGTGGGTCCTTCGT	373	1910 - 1930	57.47	57.14%
	spätný	CGACCTAAACAACGCAGCAGCT		2282 - 2261	58.12	54.55%

Pri zadaní II. vstupných podmienok

- Umiestnenie priameho prajmera v oblasti nukleotidov 200 - 500 génu AmA1
- dĺžka PCR produktu 200 – 500 b.p. (bázové páry)
- teplota topenia prajmera 57 – 63 °C
- spätný prajmer nešpecifikovaný,

neboli nájdené žiadne prajmery, vzhľadom k tomu, že:

- Ľavý prajmer: za 2033, príliš veľa Ns 120, GC obsah zlyhal 265, nízka Tm 1648, ok 0.
- Pravý prajmer: za 19132, príliš veľa Ns 282, GC obsah nedokázal 2141, nízka Tm 16453, dlho poly-x nasledujúcich 76, 180 ok.
- Páry prajmerov: za 0, ok 0

Z výsledkov analýzy vyplýva, že prajmery nájdené podľa vstupných podmienok I. spĺňajú optimálne parametre pre prajmery, nakoľko neprekračujú hranicu rozmädzia obsahu GC 40-60%, majú pomerne rovnomerné rozmiestnenie nukleotidov a podobnú teplotu topenia.

5 Záver

Pretože jednoduchý zápis poradia nukleotidov sám o sebe nie je informatívny, hľadanie podobností medzi sekvenciami porovnávacími metódami na základe existujúcich databáz poskytuje účinný spôsob, ako alebo predikovať nové sekvencie génov z už skôr charakterizovaných, stanoviť evolučnú vzťahy, odhadnúť umiestnenie a funkcie kódujúcich a regulačných, alebo veľmi efektívne analyzovať známe sekvencie na účely praktických metodických postupov molekulárnej genetiky a biológie. Nástroje NCBI databázy v súčasnosti poskytujú komplexný balík bioinformatických nástrojov slúžiacich na analýzy a komparatívne hodnotenia známych sekvencií nukleových kyselín jednotlivých organizmov a návrhy prajmerov potrebných k molekulárnemu vyhodnocovaniu týchto sekvencií.

6 Zoznam použitej literatúry

1. BRENNER, David. M. – BALTENSPERGER, David. D. – KULAKOW, Peter. A. et al. 2000. Genetic Resources and Breeding of *Amaranthus*. In: Plant Breeding Reviews, vol. 19, 2000, p. 227 – 285. ISBN 0-471-38787-8
2. CVRČKOVÁ, Fatima. 2006. Verejné dostupné zdroje dat. Prohledávání databází podle podrobnosti se známou sekvencí. In: Úvod do praktické bioinformatiky. Praha: Academia, 2006. – 148 s. ISBN 80-200-1360-1
3. ČUKOVÁ, Ludmila. – MUCHOVÁ, Zdenka. 1997. In: <http://referaty.atlas.sk/prirodne-vedy/biologia-a-geologia/22373/?print=1> (2008-03-04).
4. ČIČOVÁ, Iveta. 2010. POĽNÉ HODNOTENIE GENETICKÝCH ZDROJOV LÁSKAVCA (*AMARANTHUS* L.) NA PESTOVANIE V RASTLINNEJ VÝROBE. In: Nové poznatky z genetiky a šľachtania poľnohospodárskych rastlín zborník zo 17. vedeckej konferencie. Piešťany. Centrum výskumu rastlinnej výroby Piešťany. 2010. 186 s. ISBN 978-80-89417-23-0
5. EL-ITRIBY, H. 2007. Genetic Diversity and Germplasm Conservation Using Molecular and Genomic Techniques. In: <http://www.icarda.org/aprp/Datepalm/Topics/Biotech-right.htm> (10-10-2007).
6. FLORES, H. E. – TEUTONICO, R. A. 1986. Amaranths (*Amaranthus* ssp.): Potencial Grain and Vegetable Crops. In: BAJAJ, Y. P. S.: Biotechnology in Agriculture and Forestry 2, Berlin, Heiderberg, New York, Tokyo: Springer-Verlag, 1986, p. 568-578. ISBN 3-540-15842-1
7. GRANT, William. F. 1959. Cytogenetic studies in *Amaranthus*. In: Can. J. Genet. Cytol., vol. 1, 1959, p. 313-328.
8. GREGOROVA, Helena. 2001. In: Možnosti efektívnej výroby a využitia láskavca. http://www.agroweb.cz/Moznosti-efektivnej-vyroby-a-vyuzitia-laskavca__s44x8513.html (2002-05-22)
9. HABÁN, Miroslav. 1999. In: Možnosti efektívnej výroby a využitia láskavca. http://www.agroweb.cz/Moznosti-efektivnej-vyroby-a-vyuzitia-laskavca__s44x8513.html (2002-05-22)
10. HABÁN, Miroslav. – ILLÉŠ, Ladislav. 2001. In: Možnosti efektívnej výroby a využitia láskavca. http://www.agroweb.cz/Moznosti-efektivnej-vyroby-a-vyuzitia-laskavca__s44x8513.html (2002-05-22)

-
11. HÚSKA, Jozef. 1994. Charakteristika rodu *Amaranthus*. In: <http://referaty.atlas.sk/prirodne-vedy/biologia-a-geologia/22373/charakteristika-rodu-amaranthus> (2008-03-04).
 12. ILLÉŠ, Ladislav. – HABAN, Miroslav. – HORVAT, František. 2001. Hodnotenie vplyvu hnojenia a odrody na vybrané fyziologické ukazovatele rastlín láskavca (*Amaranthus L.*) / Ldislav Illéš, Miroslav Habán, František Horvát. In: Pestovanie a využitie tritikale, láskavca a pohánky : Zborník vedeckých prác z konferencie s medzinárodnou účasťou. - Nitra : Agrotar, 2001. - ISBN 80-88943-07-8. s. 54-58.
 13. JAKÁBOVÁ, Anna. – ŽAJOVÁ, Anna. 2001. In: Možnosti efektívnej výroby a využitia láskavca. http://www.agroweb.cz/Moznosti-efektivnej-vyroby-a-vyuzitia-laskavca__s44x8513.html (2002-05-22)
 14. JAMRIŠKA, Pavel. 2001. In: Možnosti efektívnej výroby a využitia láskavca. http://www.agroweb.cz/Moznosti-efektivnej-vyroby-a-vyuzitia-laskavca__s44x8513.html (2002-05-22)
 15. JAMRIŠKA, Pavel. 1998. In: Možnosti efektívnej výroby a využitia láskavca. http://www.agroweb.cz/Moznosti-efektivnej-vyroby-a-vyuzitia-laskavca__s44x8513.html (2002-05-22)
 16. CHLOUPEK, Oldřich. 1995. Genetická diverzita šlechtění a semenářství. 186 s. Praha: Academia. 1995. ISBN 80-200-0207-3
 17. KOEBNER, R. M. D. – DEVOS, K. M. – GALE, M. D. 1994. Advances in the Application of Genetic Markers in Plant Breeding. In: Asian Seed '94, Chiang Mai, Thailand, 27.-29. September 1994, Chiang Mai, 1994, p.1.-13.
 18. KULOVANÁ, Eliška. 2002. Možnosti efektívnej výroby a využitia láskavca. In: http://www.agroweb.cz/Moznosti-efektivnej-vyroby-a-vyuzitia-laskavca__s44x8513.html (2002-05-22)
 19. ONDŘEJ, Miloš. – DROBNÍK, Jaroslav. *Transgenoze rostlin*. Academia, Praha 2002, ISBN 80-200-0958-2
 20. PAČES, Václav. 2000. Genomika – Věda pro 21. Století. Ústav molekulární genetiky AVČR a VŠCHT Praha. http://www.img.cas.cz/paces/Genomika_2000.htm
 21. PASTIRČÁK, Martin. - ČIČOVÁ, Iveta. 2010. VÝZNAMNOSTĚ HÚB SPŮSOBUJÍCÍCH LISTOVÉ ŠKVRNITOSTI VYBRANÝCH DRUHŮ RODU LÁSKAVEC (*AMARANTHUS*) A MRLÍK (*CHENOPODIUM*). In:
-

-
- Nové poznatky z genetiky a šľachtenia poľnohospodárskych rastlín zborník zo 17. vedeckej konferencie. Piešťany. Centrum výskumu rastlinnej výroby Piešťany. 2010. 186 s. ISBN 978-80-89417-23-0
22. ŘEPKOVÁ, Jana - RELICHOVÁ, Jiřina. *Genetika rostlin*. Vyd. 1. Brno : Masarykova univerzita Brno, 2001. 269 s. 3489/Př-12/01-17/30. ISBN 80-210-2736-3.
 23. ŠTEFÚNOVÁ, Veronika. 2008. Genetická analýza láskavca (*Amaranthus* L.) DNA markérmí In: Dizertačná práca. Nitra. 2008. 201 s.
 24. WILIAMS, J. T. – BRENNER, David. 1995. Grain amaranth (*Amaranthus* sp.). In: WILIAMS, J. T.: Cereals and Pseudocereals. London: Chapman & Hall, ISBN 0412465701
 25. WEISING, K - NYBOM, H. - WOLFF, K. - KAHL, G. 2005. DNA fingerprinting in plants : principles, methods, and applications. Taylor & Francis Group - London, 2005. ISBN 0-8493-1488-7
 26. <http://amaranth.cz/historie-amarantu/>
 27. [http://www.potravinari.sk/page_979 sk.html](http://www.potravinari.sk/page_979_sk.html)
 28. <http://amaranth.cz/nutricni-kvalita-amarantu/>
 29. <http://www.tuzvo.sk/files/LF-KF/>
 30. <http://krv.fapz.uniag.sk/plodiny/laskavec%20-%20Amaranthus.pdf>
 31. http://cs.wikipedia.org/wiki/Genetick%C3%BD_marker
 32. <http://dendrome.ucdavis.edu/Meetings/GW/echt.pdf>, 2002
 33. <http://www.szu.cz/tema/genetika>
 34. http://www.embnet.sk/edu/ppb/index.php?lang=sk&i=lec_1_1
 35. http://www.embnet.sk/edu/ppb/files/Bioinformatika_S.pdf
 36. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>
 37. <http://sk.wikipedia.org/wiki/Primer>
 38. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/primerinfo.html&usg=ALkJrhiRiP0cdOtvAvrWlupigYYHeLYMA>
 39. <http://www.bioweb.genezis.eu/?cat=11&file=pcr>
 40. http://www.humgen.nl/primer_design.html
 41. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>
-