

## Abstrakt

Metylace DNA v cytosinu je důležitá epigenetická značka, která se podílí na regulaci genové exprese, umlčování transponovatelných elementů a spoluurčuje celkový stavu chromatinu. Cytosin se v DNA může vyskytovat ve třech kontextech: CG, CHG a CHH (kde H zastupuje C, A, nebo T). *Arabidopsis thaliana* (a rostliny obecně) disponuje molekulárním aparátem, kterým je schopna metylovat DNA v cytosinu ve všech kontextech. Tento aparát má dva úkoly: udržovat již zavedené metylační značky a v případě potřeby vytvářet nové. Udržování metylace se pro jednotlivé kontexty liší svými mechanismy. K metylaci symetrických kontextů CG a CHG se využívá informace z již metylovaného vlákna. Asymetrické kontexty CHH a i CHG k metylaci využívají informaci z další epigenetické značky: modifikace histonů, konkrétně dimetylace histonu H3 na lysinu 9. Takto vzniká zpětnovazebná smyčka mezi metylací histonů a DNA. Metylace CHH pak také může být naváděna pomocí malých RNA komplementárních k danému místu. Mechanismus navádění metylačního enzymu pomocí malých RNA je také využíván při zavádění nových mDNA značek, a to v případě všech kontextů. Nejvíce je metylován kontext CG, který kromě velkého zastoupení v heterochromatinu je přítomný i v konstitutivně přepisovaných oblastech dlouhých středně intenzivně přepisovaných genů.

**Klíčová slova:** *Arabidopsis*, epigenetika, chromatin, metyltransferáza, metylace histonu