

## Abstrakt

V této dizertační práci byly studovány schopnosti hub a bakterií degradovat jednoduché i složité uhlíkaté sloučeniny získané z různých zdrojů, jako jsou kořenové exsudáty, opad, půdní organická hmota nebo houbové mycelium. Znalost funkčních vlastností, zejména degradačních schopností hub a bakterií, je důležitá pro dešifrování černé skříňky fungování mikrobů v půdě, a tím pomáhá při modelování a předpovídání budoucích směrů vývoje mikrobiálních společenstev tváří v tvář globálním změnám. U sbírkových kmenů hub s různou taxonomií a ekofyziologií byla ekofyziologie důležitější při projevu funkčních vlastností než taxonomie. U bakteriálních izolátů z opadu a půdy smrkového lesa, bylo potvrzeno, že Acidobakterie produkují širokou škálu enzymů ve velkém množství in vitro, byly také hojně zastoupeny a také aktivní v procesech rozkladu v kyselé smrkové půdě. Expresse degradačních enzymů u bakterií i hub byly dále studovány in situ v půdě smrkového lesa, která představuje důležité životní prostředí vzhledem k širokému rozšíření jehličnatých lesů na severní polokouli. Naše znalosti, pokud jde o pochopení sezónního vlivu na mikrobiální činnost, jsou nedostatečné. To je důvod, proč byl studovaný vliv sezónnosti na transkripci všech funkčních genů u hub a bakterií. Stejně experimentální uspořádání bylo použito pro srovnání kódovaného a přepisovaného poměru enzymů podílejících se na cyklu uhlíku, jakož i na sezónnosti jejich transkripce u hub a bakterií, včetně enzymu  $\beta$ -glukosidázy zapojeného do posledního kroku degradace celulózy. Zaměření na sezónnost je motivováno očekáváním, že sezónní změny ve množství fotosyntátů produkovaných stromy v lese, a tím i změny v množství kořenových exsudátů mezi létem a zimou budou mít vliv na diverzní půdní společenstvo mikrobů, ale hlavně na ektomykorhizní houby (ECM). Nižší transkripční aktivita ECM a vyšší množství bakteriálních transkriptů bylo skutečně pozorováno v metatranskriptomu v zimě. Ukázalo se, že letní a zimní mikrobiální společenstva používají různé sady enzymů. A to zejména v půdě, což pravděpodobně odráží odlišné složení C sloučenin, které jsou dostupné mikroorganismům přes rok, i když jsme nepozorovali změny ve složení nebo zastoupení u mikrobiálních společenstev. V zimě jsme pozorovali využití zásobních látek a vyšší výskyt bakteriálních transkriptů, zatímco v létě spíše využívání komplexních zdrojů C převážně Basidiomycety, které do značné míry reprezentovali ECM houby ve studované půdě. Při zacílení na  $\beta$ -glukosidázu bylo demonstrováno, že i PCR amplikony z částečné genové sekvence mohou být užitečným ukazatelem diverzity i zapojení bakterií a hub v degradaci celulózy a sezónnosti transkripce tohoto enzymu. Avšak

kompletní diverzita nemůže být získána amplikonovým sekvenováním, protože amplifikační primery v zásadě opomíjejí některé organismy. Celkově náš výsledek naznačuje, že jednoduché C sloučeniny mají tzv. „priming“ efekt, to znamená, že jsou nezbytné pro degradaci komplexní půdní organické hmoty houbami.