

Abstrakt

Členové genové rodiny AHL (AT-hook motif nuclear-localized) byli nalezeni ve všech doposud osekvenovaných suchozemských rostlinách; z tohoto důvodu se předpokládá souvislost mezi divergencí AHL genů a kolonizací suchozemského prostředí rostlinami. Jednou z adaptací rostlin na suchozemské prostředí byl vznik kořenového systému. O možné funkci AHL genů při vzniku a vývoji kořenové systému se toho momentálně mnoho neví. Typickou vlastností AHL genů je přítomnost AT-hook motivu a vysoce konzervované PPC domény. Mnoho studií potvrdilo jejich účast na široké škále rostlinných procesů. Jedná se o potenciálně silné regulátory transkripce na různých úrovních. Fungují jako transkripční faktory; prostřednictvím PPC domény interagují s dalšími transkripčními faktory a prostřednictvím modifikací histonů jsou schopni remodelace chromatinu.

Na základě veřejně dostupných transkriptomických dat jsme vybrali kandidátní geny: AHL18, AHL19, AHL20, AHL21, AHL22, AHL23, AHL27 a AHL28 s predikcí funkce při vzniku a vývoji kořenového systému. Prvním cílem diplomové práce bylo zjistit jejich možné zapojení při vývoji postranních kořenů. U AHL19, AHL20, AHL21, AHL23, AHL27 a AHL28 jsme zkoumali míru transkripce v kořenové špičce a v různých stádiích vyvíjejících se primordií. Na základě získaných výsledků jsme poté vybrali pro další pokusy gen s nevyšší intenzitou transkripce v oblasti primordií. V druhé části jsme se zaměřili na vliv modulace exprese genu AHL20 na vývoj postranních kořenů.