

Lokalita bývalého vojenského letiště Hradčany je jedním z míst s vysokou koncentrací organických polutantů v půdě v rámci České republiky. Hlavním nástrojem sanací probíhajících v této lokalitě v současné době je bioremediace. Jsou při ní využívány organismy přítomné v kontaminované půdě disponující degradačními metabolickými drahami pro dekontaminaci lokality in situ. Na rozmanitosti a hojnosti těchto drah, resp. na specifitě a aktivitě enzymů podílejících se na těchto drahách závisí účinnost bioremediace. Proto je hlavním cílem této práce analýza diversity bakterií v půdách kontaminovaných leteckým palivem na základě katabolických genů kódujících toluen/bifenylové dioxygenasy Rieskeho typu. Z půdní DNA byly selektivně získány sekvence kódující tyto geny pomocí hybridizace s oligonukleotidy vázanými na magnetické mikrokuličky. Podjednotky těchto dioxygenas byly amplifikovány, analyzovány klonováním, restriční analýzou a sekvenovány. Evoluční historie byla odvozena pomocí metod neighbor-joining a maximum likelihood. Diversita katabolických genů v půdě HRB z kontaminované a sanované lokality byla porovnána s diversitou ve stejné půdě použité v mesokosmu se simulovanou fytořemediací. Přes 98% sekvencí ze vzorku HRB patří do genové podrodiny toluen dioxygenas, jejíž nejbližší příbuzný gen kóduje enzym TodC1 z *Thauera* sp. kmene DNT-1. Ve vzorku z mesokosmu remediovaného vršami (HRB-M) byla nalezena další skupina fylogeneticky odlišných sekvencí. Sekvence z této frakce, obsahující 26% všech klonů, kódují velké podjednotky bifenylové dioxygenas z bakterií degradujících polychlorované bifenyly. Plyne z toho, že v průběhu šest měsíců trvajícího vývoje mikrobiální populace v kontaminované půdě v přítomnosti vrš proběhly určité změny ve složení toluen/bifenylové rodiny Rieskeho dioxygenas. Zvýšení výskytu genů pro bifenylové dioxygenasy ovlivňující celkovou půdní mikrobiální aktivitu může být připsáno vlivu metabolismu rhizosféry vrš a také bakteriím asociovaným s těmito kořenovými systémy.