

Souhrn

Cytokininy (CK) představují významnou skupinu rostlinných hormonů zapojených do širokého spektra fyziologických a vývojových procesů. Endogenní hladiny stejně jako obsah jednotlivých forem CK a jejich derivátů nejsou konstantní a liší se v rámci rostlinných druhů. Množství biologicky aktivních CK forem (volné báze a ribosidy) jsou regulovány na úrovni spletitých metabolických přeměn, mezi něž patří dráhy biosyntézy, tvorby konjugátů a nevratné degradace. Hlavním cílem této disertační práce bylo charakterizovat metabolické dráhy zapojené do regulace bioaktivních hladin CK v rostlinách, zejména prostřednictvím biosyntézy CK s ohledem k podnětům vnějšího prostředí a *N*-glukosylační dráhy.

Bylo zjištěno, že světelný signál je významným podnětem modulujícím některé CK-geny a hladiny CK v rostlinách *Arabidopsis*. Komplexní denní profily CK-biosyntetických genů (*AtIPT1* – *AtIPT9*) v rostlinách *Arabidopsis* naznačují silnou závislost *AtIPT1* a *AtIPT5* na fázi světlo/tma v listových růžicích. Oproti tomu nebyla zaznamenána žádná denní oscilace transkripčních hladin *AtIPT* v kořenech. Ačkoliv obsah endogenních hladin CK nebyl konstantní a lišil se během dne, žádná statisticky významná korelace mezi cyklem světlo/tma a oscilací hladin CK nebyla zjištěna v listech ani v kořenech. Použitím světelných mutantů *Arabidopsis* s narušenou vnímavostí červeného (*phyAphyB*) a modrého (*cry1cry2*) světla bylo ukázáno, že modré světlo ovlivňuje hladinu transkriptu *AtIPT1* a *AtIPT5* ve větší míře než světlo červené. Následně, charakterizace dvou biosyntetických genů v rajčeti, *SlIPT3* a *SlIPT4* v odpovědi na solný stres ukázala silné potlačení exprese genů v kořenech rajčete a různé zastoupení transkriptů v mladých a starých listech po ošetření zasolením. Po aplikaci *trans*-zeatinu byla prokázána úzká spojitost *SlIPT3* a *SlIPT4* se zpětnovazebným mechanismem regulujícím CK. Mimo to, overexprese *SlIPT3* v rajčeti vedla ke změně fenotypu, vysokému hromadění CK-*N*-glukosidů (obzvláště *N*-(Δ^2 -isopentenyl)adenin 7-glukosidu), modifikací exprese CK genů zapojených v biosyntéze, signalizaci a degradaci a ke zvýšené toleranci na zasolení. Na základě těchto výsledků byl navržen teoretický model o zapojení *SlIPT3* a *SlIPT4* během krátkého solného stresu. Bylo rovněž zjištěno, že CK-*N*7- a *N*9-glukosidy vykazují určitou biologickou aktivitu v biotestech sami o sobě, naznačující, že *N*-glukosylační dráha není nezbytně finálním krokem v inaktivaci bioaktivních CK. Z evolučního hlediska je demonstrováno, že u kyanobakterií a řas se mohou vyskytovat mechanismy regulující hladiny bioaktivních CK odlišné od vyšších rostlin a nahrazující omezenou a/nebo dokonce chybějící CK-*N*-glukosyltransferázu a CKX. Je tedy zřejmé, že dosavadní znalosti týkající se regulace bioaktivních hladin CK v rostlinách prostřednictvím *N*-glukosylace je potřeba přehodnotit a rozšířit.