

## ABSTRAKT (česky)

Tato práce shrnuje tři publikace, jejichž jednotícím tématem jsou bakteriální REP (angl. repetitive extragenic palindrome) elementy. REP elementy jsou jednou z nejznámějších a nejlépe charakterizovaných skupin repetitivních DNA sekvencí u bakterií. Jsou známe především u gamaproteobakterií, včetně enterobakterií. Vyskytují se v nekódujících oblastech hostitelských genomů, zpravidla ve stovkách kopií. REP elementy jsou typicky agregovány do repetitivních útvarů vyšších řádů. U gramnegativní modelové bakterie *Escherichia coli* byly popsány interakce REP elementů s několika důležitými proteiny buněčné fyziologie, svědčící o významné roli těchto sekvencí pro hostitelskou buňku.

První studie (Nunvar et al. 2010) prezentuje objev třídy proteinů příbuzných tyrosinovým transponázám ze skupiny IS200/IS605 inzerčních sekvencí. Tyto proteiny, pojmenované RAYT (angl. REP-assoiated tyrosine transposase), jsou charakteristické přítomností specifických motivů v jejich aminokyselinové sekvenci, nepřítomných u kanonických IS200/IS605 transponáz. Dalším společným znakem je uspořádání genů kódujících RAYT proteiny. Tyto geny se v hostitelském chromozomu vyskytují vždy v jedné kopii a jsou z obou stran ohraničeny alespoň dvěma REP elementy v inverzní orientaci. Na základě podobnosti mezi systémem REP-*rayt*-REP a inzerčními sekvencemi rodiny IS200/IS605, mezi RAYT proteiny a tyrosinovými transponázami a mezi REP elementy a subterminálními sekvencemi inzerčních sekvencí rodiny IS200/IS605 byla předložena hypotéza o mobilizaci REP elementů RAYT transponázami.

Druhá studie (Nunvar et al. 2013) zkoumá variabilitu počtu kopií REP elementů v závislosti na evoluční příslušnosti hostitelských bakterií. Podkladem analýzy byly rozsáhlé soubory genomových sekvencí dvou bakteriálních fylogenetických skupin – fluorescentních pseudomonád (63 kmenů) a stenotrofomonád (10 kmenů). Byly identifikovány desítky unikátních tříd REP

sekvencí a s nimi asociovaných RAYT proteinů. Počty kopií jednotlivých třídy REP elementů vykazovaly významnou variabilitu mezi fylogenetickými liniemi hostitelů i mezi kmeny v rámci jedné linie. Vysoké četnosti daných REP sekvencí byly zpravidla podmíněny přítomností asociovaného RAYT genu. Z výsledků lze vyvodit, že dlouhodobá přítomnost RAYT proteinů vede k proliferaci příslušných REP elementů.

Třetí studie (Nunvar et al. 2012) pojednává o možnostech využití dynamiky druhově specifických REP sekvencí pro jednoduchou genotypizaci izolátů druhu *Stenotrophomonas maltophilia*. Vyvinutá metoda, nazvaná SmrepPCR, využívá polymerázovou řetězovou reakci s jediným primerem, komplementárním k nejčetnější třídě REP elementů u *S. maltophilia*. Rozdělení 34 zkoumaných izolátů do skupin na základě příbuznosti jejich SmrepPCR profilů (soubory amplifikovaných proužků různých molekulových hmotností) velmi dobře korelovalo s fylogenetickým stromem sekvencí esenciálního genu *gyrB*. Novou metodu SmrepPCR lze tedy použít pro odhad klonální, resp. fylogenetické příbuznosti environmentálních a klinických kmenů *S. maltophilia*.

### **Klíčová slova**

*Pseudomonas fluorescens*, *Stenotrophomonas maltophilia*, REP element, IS200/IS605, RAYT, SmrepPCR, *gyrB*, molekulární fylogenetika, srovnávací genomika