

Abstrakt

Kvasinky jsou jednobuněčné eukaryotické mikroorganismy, které jsou schopny tvorby mnohobuněčných útvarů tzv. kolonií. Různé kmeny kvasinek mají za definovaných životních podmínek charakteristickou morfologii kolonií. Typickým rysem přírodních izolátů ale i patogenních kvasinek je schopnost přepínat mezi dvěma či více morfotypy. Tento děj, nazývaný přepínání fenotypů, přispívá k rychlé adaptaci na změny podmínek prostředí a souvisí často se změnou rezistence vůči stresu či s virulencí patogenů. Přepínání fenotypů lze pozorovat i u nepatogenní *Saccharomyces cerevisiae*, u které dochází za stálých laboratorních podmínek k přepnutí z vrásčité morfologie z přírody izolovaného kmene BR-F na hladkou morfologii kmene BR-S. Tato změna morfologie je doprovázena změnami dalších fenotypových charakteristik. Při transkriptomové analýze bylo zjištěno, že kmen BR-F a BR-S se liší genovou expresí mimo jiné v subtelomerických oblastech, které jsou pod kontrolou histon acetyláz a histon deacetyláz.

V této práci jsem se zaměřila na histon deacetylázu Sir2p, která by mohla mít vliv na přepínání fenotypů u *Saccharomyces cerevisiae*. Pro práci byla použita deleční mutanta v genu *SIR2* u kmene BR-S připravená v naší laboratoři, která má změněnou morfologii kolonií. Výsledky naznačují, že kmen BR-S s delecí genu *SIR2* vykazuje některé fenotypové charakteristiky, které se více podobají vlastnostem přírodního izolátu BR-F, avšak má zároveň mnohé vlastnosti podobné hladkému kmeni BR-S. Ukázalo se, že kmen BR-S s delecí genu *SIR2* má zvýšenou frekvenci přepínání fenotypů. Při ověřování stability morfologie kmene BR-S s delecí genu *SIR2* byl izolován kmen s hypervrásčitou morfologií a dalšími charakteristikami podobnými kmeni BR-F, který bude využitý při studiu morfologie kolonií. Dále byl vytvořen kmen BR-S s delecí genu *SIR2* exprimující *GFP* z promotoru indukovatelného galakózou, který bude v dalším výzkumu použitý při studiu diferenciaci buněk v rámci kolonie.

Tato pilotní studie rozšířila naše znalosti o přepínání fenotypů u kvasinky *Saccharomyces cerevisiae*, nicméně pro pochopení role histon deacetylázy Sir2p na přepínání fenotypů bude nutný další výzkum.