

Souhrn

Transkripční faktory rodiny CSL jsou esenciální pro ontogenetický vývoj mnohobuněčných živočichů, zejména díky své úloze v signální dráze Notch. Nalezli jsme dvě nové třídy genů CSL u několika druhů hub (*Fungi*), což jsou organizmy, které dráhu Notch nemají. Abychom objasnili funkci rodiny CSL u houbových organismů, experimentálně jsme charakterizovali *cbf11*⁺ a *cbf12*⁺, geny CSL z kvasinky *Schizosaccharomyces pombe*. Naše výsledky ukazují, že se jedná o skutečné členy rodiny CSL. Oba geny jsou neesenciální; mají odlišné expresní profily a kódují jaderné proteiny se schopností aktivovat transkripce. Prokázali jsme, že Cbf11 specificky rozeznává *in vitro* kanonický cílový element známý pro metazoální homology (GTG^A/GAA). Delece *cbf11*⁺ má za následek růstové defekty a změny v morfologii kvasinkových kolonií. Dále jsme zjistili, že Cbf11 a Cbf12 hrají opačné role v buněčné adhezi a v jaderném a buněčném dělení a jejich vzájemné koordinaci. Narušení rovnováhy těchto dvou proteinů vede k defektům v separaci buněk po dělení, k fenotypu „cut“ a abnormální diploidizaci. Naše data dokládají, že proteiny CSL fungují v organismu, který je evolučně starší než dráha Notch, což by mělo přispět k pochopení funkce rodiny CSL v metazoích.