

Abstrakt (česky)

Proteiny rodiny Alba byly identifikovány u Archaea a eukaryot a jsou řazeny mezi jedny z nejstarších a nejkonzervovanějších proteinů vázajících nukleové kyseliny (DNA i RNA). Jejich vazebné preference a role se u jednotlivých vývojových skupin velmi různí. Zatímco u skupiny Crenarchaea se jedná o chromatinové proteiny, u Euryarchaea a eukaryot se předpokládá jejich role v metabolismu RNA. Proteiny ALBA jsou dobře charakterizovány u člověka, kde tvoří součást komplexu RNAsy P/MRP a u jednobuněčných parazitů, např. *Plasmodium* či *Trypanosoma*, kde se podílejí na regulaci životního cyklu. Z rostlinného světa je však poznatků prozatím málo. Cílem této práce je přispět k pochopení role proteinů ALBA u modelové rostliny huseníčku rolního (*Arabidopsis thaliana*).

Vzhledem k minimálnímu vlivu na vývoj a reprodukci rostlin při vyřazení jednotlivých genů metodou CRISPR/Cas9 a vysoké sekvenční podobnosti homologů u *A. thaliana*, lze předpokládat jejich funkční zastupitelnost. Z tohoto důvodu byl stejnou metodou vytvořen trojnásobný mutant, u kterého bylo pozorováno zpoždění nástupu kvetení o několik dní. Tvorba dimerů proteinů ALBA již byla potvrzena u mnohých studovaných organismů. V této práci byla pro stanovení těchto interakcí použita metoda BiFC. Analýza získaných dat ve většině případů naznačuje homodimerizaci studovaných proteinů.