

Abstrakt:

U rostlin hraje regulace translace důležitou roli během progamické fáze, oplození a vývoje semene. Regulace syntézy proteinů je soustředěna převážně v iniciační fázi translace, kde je největším a nejsložitějším iniciačním faktorem Eukaryotický translační iniciační faktor 3 (eIF3), který se skládá z 12 nestejných podjednotek. Mutace jednotlivých podjednotek v rostlinách způsobily defekty v různých fázích růstu a vývoje rostliny v závislosti na dané mutované podjednotce. Charakterizace některých podjednotek rostlinného eIF3 komplexu však doposud nebyla provedena. Předmětem této práce bude funkční charakterizace podjednotky A převážně v modelové rostlině *Arabidopsis thaliana*. V této práci jsme popsali vysoce shodnou homologii a doménovou organizaci proteinů podjednotky eIF3A mezi rostlinnými a nerostlinnými druhy eukaryotických organismů, která má však svá rostlinná specifika. Dále jsme popsali, že gen *AteIF3A* je transkribován v rychle se dělících pletivech, jeho proteinový produkt je lokalizován v cytoplasmě a v okolí jádra vegetativní buňky pylu a pozorovali jsme zvýšenou frekvenci defektu pylových zrn a defektu v utváření semen v rostlinách s T-DNA inzercí v genu *AteIF3A*. Také jsme vytvořili stabilní transgenní linie rostliny *Nicotiana tabacum* s heterologní expresí AteIF3A proteinu z *Arabidopsis*.