

Abstrakt

Tato diplomová práce je zaměřena na hledání bakteriálních původců a antagonistů ovlivňujících výskyt obecné strupovitosti, projevující se u některých zemědělsky využívaných plodin, jejímž hlavním původcem je *Streptomyces scabiei* a která způsobuje značné ekonomické ztráty.

Z rhizosféry brambor byly izolovány bakteriální kmeny, především streptomycety, protože patří mezi nejvýznamnější producenty sekundárních metabolitů a původci tohoto onemocnění patří také do tohoto rodu. Metodou PCR byl u získaných kmenů amplifikován gen pro 16S rRNA a jeho sekvenací byla stanovena jejich příbuznost. Jednoduchým kultivačním testem byly poté nalezeny kmeny, které účinně potlačují *S. scabiei*. Dále byly metodou PCR hledány specifické geny pro biosyntézu fytotoxinu thaxtominu A, který je společným virulencním faktorem všech doposud popsanych původců onemocnění a způsobuje projevy tohoto onemocnění na povrchu napadených plodin. Geny pro syntézu thaxtominu jsou součástí ostrovu patogenity. Standard fytotoxinu thaxtominu A byl použit pro optimalizaci jeho stanovení hmotnostní spektroskopii pro pozdější analýzu pokusů prováděných *in vivo* a *in vitro*.

Výsledky fylogenetické analýzy izolovaných kmenů, u nichž byla prokázána přítomnost jednoho z genů nutných pro biosyntézu thaxtominu A, podpořily hypotézu horizontálního genového přenosu ostrovu patogenity na původně nepatogenní kmeny. Byly nalezeny potenciální půdní antagonistické kmeny schopné potlačovat při souběžné kultivaci hlavního původce onemocnění *S. scabiei* a kmeny nesoucí jeden z genů nutných pro syntézu thaxtominu blízce příbuzné známým patogenním bakteriím. Další práce na tomto projektu bude zaměřena na detekci produkce thaxtominu A u potenciálních patogenních kmenů.