

## Abstrakt

Trávicí trakt hmyzu je přirozeně osídlen velkým množstvím mikroorganismů včetně hub. V rozporu s původními předpoklady se kvantitativní zastoupení druhů hub ve střevech a listech, kterými se tento hmyz živí, značně liší. Mezi druhy obývající obě tyto niky se najdou tací, jejichž zastoupení je výrazně vyšší právě ve střevech. Zde žijící mikroorganismy se však musí umět vypořádat s řadou pro ně inhibujících látek, které jsou přijímány s rostlinnou stravou. Tyto fytochemikálie mohou metabolismus mikroorganismů významně ovlivňovat. U značné části fytochemikálií byla zároveň prokázána schopnost působit jako epigenetické modifikátory eukaryotických buněk. K zodpovězení otázky, zda spolu mohou tato fakta souviset a zda mají změny v metabolismu hub základ ve změnách na epigenetické úrovni, byla zvolena metodika transkriptomické analýzy a hned několika analýz sledujících metabolické změny. Jako modelový organismus daného systému se tato diplomová práce zaměřuje na druh *Aureobasidium pullulans*, u kterého jsou sledovány změny po vystavení fytochemikáliím (kvercetinu, tannivinu a kyselině gallové). Jedná se o druh, jehož procentuální zastoupení ve střevech hmyzu bylo výrazně vyšší v porovnání s jeho zastoupením na povrchu listů a zároveň o druh s biotechnologickým významem. Podle výsledků sledování metabolické aktivity nedochází k navýšení produkované biomasy u *A. pullulans* po přidání fytochemikálií, jak bylo původně předpokládáno. Z výsledků je však vidět, že ačkoliv vliv na změnu diferenciální genové exprese je velmi výrazný, změny v rychlosti růstu jsou spíše zanedbatelné. Analýza transkriptomu *A. pullulans* odhalila řadu genů, jejichž exprese se lišila v závislosti na přidání použitých fytochemikálií. Jednalo se nejen o geny zodpovědné za epigenetické změny (methyltransferázy, acetylázy, deacetylázy), ale i geny související s produkcí lytických enzymů (celulázy, lipázy, xylanázy, amylázy). Zároveň zde docházelo k výrazné up-regulaci genů, které lze spojit s odpovědí na environmentální stres. Studium epigenetiky u hub představuje oblast s obrovským potenciálem, neboť mezi houbami můžeme nalézt značnou část patogenů či biotechnologicky významných producentů.

Klíčová slova: *Aureobasidium pullulans*, transkriptomika, epigenetika, střevní mikrobiom, fytochemikálie