

Abstrakt

Fenotyp rostliny je ovlivněn genetickou i epigenetickou informací, protože epigenetické značky jsou schopné regulovat expresi genů. Mnoho genů je během života rostliny umlčováno, protože se uplatňují například pouze v určité části vývoje rostliny či v reakci na stres. Transponovatelné elementy a jiné repetitivní sekvence jsou také umlčovány, jelikož by mohly ohrožovat stabilitu genomu. Jednou z epigenetických značek je metylace DNA, navázání metylové skupiny z donoru na C5 pozici cytosinu v DNA. Methylace DNA je zajišťována metyltransferázami a má zpravidla represivní vliv na expresi genů díky proteinům rozeznávajícím metylaci. Kromě methylace DNA má na expresi genů vliv i celkový stav chromatinu, který se může vyskytovat jak v rozvolněném stavu (euchromatin), tak v kondenzovaném stavu (heterochromatin). Geny nacházející se v heterochromatinu jsou neaktivní (umlčené), protože heterochromatin je značně kompaktní a není přístupný pro proteiny podílející se na expresi genů. Kondenzace chromatinu je často přímo spojena s metylací DNA. Zároveň je ale kondenzace chromatinu spojena i s represivními histonovými modifikacemi a represivními histonovými variantami, se kterými je často svázána i metylace DNA. Cílem této práce je shrnout a propojit známé vzájemné vztahy mezi metylací DNA, histonovými modifikacemi, histonovými variantami a stavem chromatinu, které se společně podílejí na regulaci exprese genů.

Klíčová slova: metylace cytosinu/DNA, demethylace cytosinu/DNA, MBD proteiny, SUVH proteiny, H3K9me2, H3K27me3, heterochromatin, euchromatin, H3, H2A.W, H2A.Z