

## Souhrn

Tato práce se zabývá studiem molekulárních základů fotoperiodické indukce kvetení u modelové krátkodenní rostliny merlíku červeného (*Chenopodium rubrum*). Zaměřili jsme se na hledání a studium exprese a funkce homologů genů *CONSTANS (CO)*, *FLOWERING LOCUS T (FT)* a *LEAFY (LFY)*, klíčových regulátorů účinkujících v signální dráze indukce kvetení závislé na fotoperiodě u dlouhodenní *Arabidopsis thaliana*.

V tetraploidním *C. rubrum* jsme identifikovali dva *FT-like (FTL)* geny – *CrFTL1* a *CrFTL2*, lišící se svými expresními profily. *CrFTL1* bylo transkribováno rytmicky s maximem uprostřed dne. Za induktivních fotoperiodických podmínek korelovala zvýšená exprese *CrFTL1* s mírou kvetení, za neinduktivních podmínek nebyl *CrFTL1* exprimován. Exprese *CrFTL2* byla za všech studovaných fotoperiodických režimů konstitutivní. *CrFTL1* je velmi pravděpodobně aktivátor kvetení, *CrFTL2* se neúčastní kvetení za studovaných podmínek a jeho funkce zůstává nejasná.

Dva *CO-like (COL)* geny *CrCOL1* a *CrCOL2* z *C. rubrum* podléhají dosud nepopsanému typu alternativního sestřihu a produkují dva typy transkriptů. Jedna forma transkriptu odpovídá standardnímu sestřihu prvního a jediného intronu v konzervované pozici. V druhé formě je navíc vystřižena 90 bp dlouhá sekvence odpovídající části prvního exonu. Všechny čtyři formy transkriptů vykazují stejné transkripční profily (rytmická exprese s maximem na konci noci) lišící se jen výškou hladin jednotlivých mRNA. Transkripce obou *CrCOL* genů byla silně inhibována světlem.

Předběžné výsledky z přenosu cDNA *CrFTL1* a *CrCOL2s* (alternativně sestřižená forma transkriptu) do *ft* a *co* mutantů *A. thaliana* ukazují na ortologii *CrFTL1* k *FT* a naznačují komplementaci *co* mutace prostřednictvím *CrCOL2s*.

Identifikovali jsme úplnou kódující sekvenci již dříve známého *LFY* ortologu *CrFL*. Naše výsledky ukazují na nepřítomnost druhého intronu v genomické sekvenci tohoto genu, stejně jako v *LFY* homologu *CbhLFY1* z *C. bonus henricus*. Toto nebylo doposud popsáno.

Studovali jsme též použitelnost části genomické sekvence *FTL* genů pro stanovení příbuznosti druhů merlíku, zejména polyploidních druhů ze skupiny *C. album*. Tato skupina je velmi komplexní a vzájemné vztahy jednotlivých druhů jsou nejasné. Třetí intron *FTL* genů se ukázal být dobrým molekulárním markerem pro rozlišení fylogenetických vztahů v této skupině a též pro zjištění původu zemědělsky významného *C. quinoa*.

Naše výsledky přinášejí potřebné rozšíření vzhledu do problematiky vzájemných vztahů genů účastnících se fotoperiodické indukce kvetení u krátkodenních rostlin.