

## IV. ZÁVĚRY

1. Byl sekvenován ME2 gen *X. laevis* a zároveň byl u něj objeven dosud nepopsaný intronový polymorfismus Xstir elementů v počtu opakování repeticity vykazující standardní Mendelovskou dědičnost. Nalezené polymorfismy je možné využít při konstrukci genetických nebo fyzikálních map u *X. laevis*.
2. Na základě modifikované metody fluorescenční *in situ* hybridizace spojené s tyramidovou amplifikací signálu (FISH-TSA) byla vyvinuta účinná metoda lokalizace single-copy genů *Xenopus laevis*.
3. Vůbec poprvé u obojživelníků byl do subcentromerické oblasti dvou homologních akrocentrických chromozómů *X. laevis* patřících do skupiny G vizualizován single-copy gen, *c-src1*.
4. Byla určena sekvence paralogních genů Mdh2a a Mdh2b *Xenopus laevis* včetně jejich exon-intronové struktury.
5. Pomocí FISH-TSA metody, která je schopna rozlišit geny s 95% podobností, byla úspěšně provedena první lokalizace dvou paralogních *X. laevis* Mdh2 genů do subcentromerické oblasti dlouhých ramen chromozómů 3 (Mdh2a) a 8 (Mdh2b). U obou genů byl zjištěn intronový polymorfismus poskytující při křížení štěpné poměry v souladu s Mendelovými zákony.
6. Vazba na pohlaví nebyla potvrzena ani u Mdh2 paralogů, ani u ME2 genu *X. laevis*. Některé údaje z již publikované vazebné mapy (Graf, 1989a; Graf, 1989b) byly tudíž vyvráceny.

7. Byl sekvenován a lokalizován Mdh2 gen *Xenopus tropicalis*. Metoda FISH-TSA, původně navržená pro *X. laevis*, odhalila tento gen v subcentromerické oblasti dlouhých ramen chromozómů 3, tzn. ve stejné oblasti jako u velmi podobného chromozómu *X. laevis*.
  
8. Geny se známou strukturou, chromozómovou pozicí a snadno zjistitelnými alelami se hodí k uspořádání contigů a propojení nukleotidových sekvencí s vazebnou analýzou. Vysoký výskyt intronových mutací lze obecně využít při vazebných analýzách. FISH-TSA metoda, používající kratší cDNA sekvence k lokalizaci do chromozómů, usnadňuje analýzu genomu přinejmenším u obratlovců.