

## **ABSTRAKT**

Širší účel práce je najít a interpretovat polymorfismus v genech přirozené imunity skotu využitelný pro zvýšení odolnosti proti infekčním chorobám. Byla aplikována metoda NGS na platformě PacBio pro efektivní resekvenování genu pro klíčový receptor přirozené imunity TLR2 a dvou genů kódujících složky navazujícího transkripčního faktoru NF- $\kappa$ B. V reprezentativní populaci 149 býků plemene ČESTR bylo nalezeno 22 polymorfismů v genu *NFKB1*, z toho 5 nových, zatímco v genu *NFKB2* bylo nalezeno 13 SNP, z toho 10 nových. V genu *TLR2* bylo nalezeno 21 SNP, z toho pouze 3 nové. Z 56 nalezených polymorfismů je 6 nesynonymních SNP, z toho jeden vede k záměně R474G v produktu NF- $\kappa$ B1 a pět k záměnám E63D, R152Q, I211V, R563H, H665Q v proteinu TLR2. Popis haplotypů v genech *NFKB1* a *NFKB2* usnadnil vývoj individuálních genotypovacích reakcí typu extenze primeru. U *TLR2* byl zjištěn vysoký počet haplotypů, a to jak ze sekvencí přečtených technologií PacBio, tak i nezávisle statistickou rekonstrukcí. Rovněž byly u *TLR2* určeny dva shluky haplotypů, což lze vysvětlit diverzifikující selekcí či genovou introgresí. Znalost diverzity v populaci ČESTR dovoluje provést asociační studie s fenotypovými údaji o zdravotním stavu. Lokalizace ve funkčních doménách dovoluje vymežit SNP s potenciálním účinkem na infekční rezistenci, což je zejména H665Q v TIR oblasti TLR2. Znalost diverzity otvírá možnost přenosu údajů o plemenné hodnotě jednotlivých variant z jiných studií.