

## Abstrakt

Toll-like receptory jsou geneticky variabilní molekuly vrozené imunity obratlovců, které rozpoznávají tzv. struktury nebezpečí, např. struktury patogenů. Vyšetření genetické variability u *TLRs* může poodhalit obecné adaptace imunitního systému hostitelů proti tlaku parazitů na molekulární úrovni. Koncept mezidruhového polymorfismu (TSP) předpokládá, že několik identických alel či alelických linií je zděděno od společného předka druhů druhy dceřinými, u nichž následně mohou být dlouhodobě udržovány v polymorfním stavu. Zatímco u genů získané imunity je TSP dobře prostudován, naše znalosti o TSP v genech vrozené imunity, např. *TLRs*, u nichž bychom mohli TSP předpokládat, jsou nedostatečné. V této práci se proto zaměřuji na popis genetického polymorfismu ve funkčně významných oblastech *TLR4* a *TLR5* u 192 jedinců 20 druhů sýkor z čeledi sýkorovitých (*Paridae*). Tyto receptory vážou převážně bakteriální ligandy (*TLR4* rozpoznává lipopolysacharid a *TLR5* flagelin) a podílejí se tak na prvotní aktivaci imunity proti bakteriálním patogenům. Pro odlišení případného TSP od sdíleného polymorfismu způsobeného genovým tokem byly osekvenovány také introny šesti autosomálních neutrálních markerů. Ze získaných dat vyplývá *TLRs* jsou variabilní na vnitrodruhové a mezidruhové úrovni u sýkorovitých. Pozitivní selekce byla detekována na 14 aminokyselinových pozicích v *TLR4* a na 23 pozicích v *TLR5*. Z těchto selektovaných pozic se zároveň 4 pozice u *TLR4* a 14 pozic u *TLR5* nacházely v blízkosti predikovaných funkčně významných míst anebo byly přímo ve vazebných místech. TSP byl detekován jak v *TLR4*, tak v *TLR5* mezi blízkce příbuznými druhy na úrovni rodu (konkrétně mezi americkými sýkorami rodu *Poecile* a dále pak v rodech *Cyanistes* a *Baeolophus*). Předpokládaná doba perzistence TSP tak nebyla vyšší než 4-8 milionů let. Nicméně vzhledem k nedávné divergenci mezi těmito druhy a rozsáhlému sdílení alel také u neutrálních markerů nebylo možno rozlišit, zda se u *TLR4* a *TLR5* jedná o balancovaný či transietní TSP. Výrazný genový tok byl detekován v rámci dvou dvojic blízkce příbuzných druhů sýkor. To naznačuje, že minimálně část sdíleného polymorfismu v *TLR4* a *TLR5* by mohla pocházet z introgrese. V této práci jsem vůbec poprvé detekoval TSP u *TLRs* a u Pattern recognition receptorů, což naznačuje, že TSP je obecným evolučním jevem u imunitních genů. Identifikované pozitivně selektované pozice u *TLR4* a *TLR5* ležící v blízkosti vazebných míst by mohly ovlivňovat vazebné vlastnosti těchto receptorů a následné rozpoznání patogenů.

Klíčová slova: imunitní geny, introgrese, selekce, sdílená variabilita, *TLR4*, *TLR5*, trans-species polymorfismus, TSP, vrozená imunita