

– ABSTRAKT –

Mezi obratlovci představují plazi ideální skupinu pro studium determinace pohlaví. Zahrnují totiž linie s pohlavím určeným prostředím (ESD), jak můžeme vidět u krokodýlů a tuatary, linie s genotypovým určením pohlaví (GSD), např. leguány, chameleony, skinky, ještěrky a ptáky, a pár skupin, které mají variabilitu v mechanismech určování pohlaví jako jsou gekoni, agamy a želvy. Tato práce je zaměřena na evoluci pohlavních chromozomů a determinace pohlaví u želv. Většina druhů želv vykazuje ESD, jež je považováno za ancestrální systém určování pohlaví této skupiny, zatímco GSD v podobě samčí či samičí heterogamie se vyvinula nezávisle nejméně pětkrát. Pomocí cytogenetických analýz jsme zkoumali přítomnost pohlavních chromozomů u vybraných zástupců želv. Analýzy zahrnovaly rekonstrukci karyotypů, distribuci konstitutivního heterochromatinu (C-pruhování, analýza akumulace metylovaných skupin) a repetice (pomocí fluorescenční *in situ* hybridizace) a srovnávací genomovou hybridizaci (CGH), které často odhalí degenerovaný Y nebo W chromozom a mohou být užitečné při identifikaci „kryptických“ pohlavních chromozomů. Popsali jsme XX / XY chromozomy u sedmi dříve nestudovaných australských zástupců čeledi Chelidae (Pleurodira) z rodů *Chelodina*, *Elseya* a *Emydura*. Navzdory rozdílu v morfologii chromozomů by sdílení akumulací stejných repetice mohlo naznačovat homologii samčí heterogamie v rámci čeledi Chelidae, tato čeleď by tak mohla představovat další příklad stabilních pohlavních chromozomů, které by se mohly udržovat po 50-120 milionů let. Přítomnost pohlavních chromozomů byla zkoumána i u tří druhů čeledi Geoemydidae a dvou druhů čeledi Emydidae. Došli jsme k závěru, že předchozí nález heteromorfních pohlavních chromozomů ZZ / ZW u druhu *Pangshura smithii* z čeledi Geoemydidae byl založen na chybném párování chromozomů během rekonstrukce karyotypu, pohlavní chromozomy nebyly v našich analýzách u tohoto druhu detekovány. Pohlavní chromozomy nebyly odhaleny ani u druhů *Geoemyda japonica* a *Geoemyda spengleri* ze stejné čeledi, přestože jsou fylogeneticky blízké druhům s diferencovanými pohlavními chromozomy, ani u zástupců čeledi Emydidae *Emys trinacris* a *Trachemys scripta scripta*. Kromě toho byla zkoumána evoluce pohlavních chromozomů u prvního outgroupu želv s GSD, u ptáků. K odhalení homologie pohlavních chromozomů přes celou ptačí radiaci jsme použili metodu založenou na qPCR. Stejná metoda zároveň může sloužit také jako nástroj pro molekulární určení pohlaví jedince. Hlavními body této práce jsou: (i) doklad o široké rozšířenosti a potenciálním vysokém stáří samčí heterogamie u čeledi Chelidae; ii) zpochybnění existence samičí heterogamie u čeledi Geoemydidae - pokud je

známo, samičí heterogamie se vyvinula v rámci želv pouze jednou a to u kožnatek; iii) doložení, že studium repetitivních elementů může být informativní pro identifikaci kryptických pohlavních chromozomů; iv) podrobná dokumentace, že způsob určení pohlaví je u ptáků velmi konzervativní; v) nová metoda molekulárního určení pohlaví založená na qPCR, teoreticky použitelná u všech druhů ptáků.