

## Abstrakt

Předkládaná dizertační práce představuje návrh vysvětlení původu nadpočetných pohlavních chromosomů štěnice *Cimex lectularius* (Hemiptera: Heteroptera: Cimicidae) pomocí kombinace analýzy velikosti genomu a klasické cytogenetiky. Pro srovnávací účely bylo obdobně analyzováno dalších pět příbuzných druhů z čeledi Cimicidae a 12 druhů z čeledi Nabidae. Práce zahrnuje i popisy metodik zpracování vzorků *C. lectularius*, cytogeneticky a průtokovou cytometrií.

Současné evropské populace *C. lectularius* z lidských hostitelů vykázaly 12 rozdílných cytotypů s rozdílným počtem pohlavních chromosomů X, od dvou do 20 ( $2n♂ = 26+X_1X_2Y$  až  $26+X_{1-20}+Y$ ). Hypotéza o původu nadpočetných pohlavních chromosomů X *C. lectularius* pomocí fragmentace byla formulována ve druhé polovině 20. století. Nicméně analýza velikosti genomu naznačuje, že by se mohlo jednat spíše o směs chromosomálních přestaveb typu duplikace či delece, které fragmentaci provázejí. Samci se základním cytotypem  $2n = 26+X_1X_2Y$  měli velikost genomu  $2C = 1,94$  pg, naproti tomu samec s  $2n = 26+X_{1-7}+Y$  dosáhl  $2C = 2,26$  pg, ale objevili se i jedinci se sníženou velikostí genomu  $2C = 1,69$  pg. Nejdůležitější se však ukázala být relativní velikost genomu spermií  $n = 13+X_1X_2$  a  $n = 13+Y$ , kdy jedinci s vyšším počtem chromosomů vykazovali navýšení relativní velikosti genomu pouze u spermií nesoucích X chromosomy.

Obdobná analýza chromosomů a velikosti genomu dalších pěti druhů z čeledi Cimicidae přinesla nové záznamy variability počtu pohlavních chromosomů u štěnice *C. lectularius* z netopýřích hostitelů  $2n = 26+X_1X_2(X_3)Y$  a *C. pipistrelli*  $2n = 28+X_1X_2(X_3)Y$ . Avšak v porovnání se situací u *C. lectularius* z člověka tyto nadpočetné chromosomy vznikaly převážně jen fragmentací pohlavních chromosomů X a jedinci z obou cytotypů měli velmi podobné velikosti genomu. Mimo to, velikost genomu všech pěti druhů byla zaznamenána vůbec poprvé: *C. hemipterus*  $2C = 1,47$  pg, *C. hirundinis*  $2C = 1,61$  pg, *C. lectularius* z netopýřů  $2C = 1,80$  pg, *C. pipistrelli*  $2C = 1,68$  pg and *Paracimex* cf. *chaeturus*  $2C = 1,22$  pg.

Analýza velikosti genomu zástupců čeledi Nabidae podpořila v současnosti neakceptovanou teorii o autosomové polyploidizaci. Druhy rodu *Himacerus* s  $2n = 32+XY$  dosáhly dvojnásobku jaderné DNA ( $2C = 9-10$  pg) oproti druhům rodu *Nabis* s  $2n = 16+XY$  ( $2C = 4-6$  pg). Vedle velikosti genomu studovaných zástupců čeledi Nabidae, byl poprvé popsán i karyotyp *N. biformis*, *N. maoricus*  $2n = 16+XY$  a  $2n = 26+XY$  pro *Prostemma aeneicolle*.