

Abstrakt

Pavoukovci jsou značně diverzifikovanou skupinou členovců – zahrnují 12 řádů a okolo 130 000 druhů. Patří sem i řada hospodářsky a lékařsky významných druhů. Pavoukovci nabízejí také nejrůznější příležitosti ke studiu vlivu variability na genomové a karyotypové úrovni na morfologickou a ekologickou diverzifikaci, evoluci a adaptaci. Znalosti karyotypů a genomů pavoukovců jsou ovšem stále omezené. Dostupné údaje ukazují vysoký rozsah diploidních počtů chromozómů ($2n$) monocentrického nebo holocentrického typu, variabilitu v systémech pohlavních chromozómů (zejména u pavouků) a modifikace meiózy. Hlavním cílem této dizertační práce bylo studovat konvenčními a molekulárně cytogenetickými metodami mechanismy karyotypové evoluce u halogynních pavouků (s monocentrickými i holocentrickými chromozómy) a u dvou čeledí (Charinidae a Phrynidae) z blízkce příbuzného řádu Amblypygi. Vybrané skupiny nabízejí unikátní vhled do základních karyotypových charakteristik tetrapulmonátní evoluční větve pavoukovců a umožňují také analyzovat roli polyploidie v evoluci karyotypu pavoukovců a evoluční mechanismy zodpovědné za vznik holocentrických chromozómů. Naše data naznačují, že holocentrické chromozómy jsou autoapomorfním znakem pro haplogynní nadčeleď Dysderoidea. Sesterská linie Caponiidae se vyznačuje vysokými počty monocentrických chromozómů a podstatně většími genomy, což poukazuje na možnou polyploidizační událost u předků této skupiny. Naše výsledky podporují názor, že holocentrické chromozómy u pavouků se mohly vyvinout prostřednictvím mnohočetných fúzí chromozómů. Přítomnost pohlavních chromozómů patrně nepředstavovala výrazné omezení pro vznik polyploidie. Dále jsme prokázali značnou dynamiku karyotypovaných změn mezi studovanými amblypygidy, s pravděpodobně vysokým ancestrálním $2n$ a jeho následným opakovaným snižováním za přispění fúzí a/nebo translokací a s významným přispěním pericentrických inverzí. Nápadné rozdíly ve vlastnostech karyotypu posloužily jako cytotaxonomické markery pro identifikaci druhů, zvláště při integraci s fylogenetickými a morfometrickými daty. Naše zjištění otevírají dveře novým směrům v cytogenetickém a genomickém výzkumu pavoukovců, zejména s ohledem na studium možných rolí přestaveb a pohlavních chromozómů v (kryptické) diverzifikaci této druhově bohaté skupiny členovců.