

Abstrakt

Eimerie jsou jednobuněční prvoci z kmene *Apicomplexa* způsobující nemoc kokcidiózu, která je příčinou velkých ekonomických ztrát především v drůbežářském průmyslu. Cílem této práce bylo vyvinout nové molekulární metody a vyřešit některé problémy, což by bylo cenným příspěvkem v oboru, využitelným jak ve výzkumu tak i v praxi. Protože imunita proti eimeriím je druhově přísně specifická, je důležité znát jednotlivé druhy a dokázat je rozpoznávat. Tradiční diagnostické postupy spoléhají na klasické metody jako je určování morfologie oocyst pod mikroskopem, stanovování prepatentní periody nebo hodnocení lézí způsobených parazitem. Určování druhů těmito způsoby je však časově velice náročné a často nespolehlivé, hlavně v případech, kdy analyzujeme směs více druhů, jejichž parametry se překrývají. I když metody určování druhů využívající klasickou PCR již existují, tyto metody postrádají výhody nabízené real-time kvantitativní PCR (qPCR). Prvním cílem této práce bylo vyvinout qPCR metody pro detekci a kvantifikaci sedmi druhů kuřecích eimerií. Cílem byla vysoká specifita a maximální pokrytí všech různých kmenů každého druhu, proto byly jako cílové sekvence hledány jednokopiové nepolymorfní oblasti. Užitečnost metody byla demonstrována analýzou vzorků z terénu. Dalším cílem práce bylo vyřešení postavení druhu kuřecí kokcidie *Eimeria mivati*, jehož platnost je často zpochybňována. Pomocí izolace čistých kmenů a následné analýzy sekvencí malé ribozomální podjednotky (18S) jsme dokázali, že v rámci jednoho genomu tohoto parazita existují dva typy 18S sekvence a že tyto typy odpovídají sekvencím *E. mitis* a *E. mivati*. Existence dvou typů 18S tak byla u eimerií pozorována poprvé a znamená, že druh *E. mivati* je stejný druh jako *E. mitis*. Toto zjištění má důležité dopady pro diagnostiku kuřecích eimerií, veterinární praxi a výrobu živých vakcín. Další oblastí práce byly kokcidie krůt, kde jsme objasnili otázku dvou kmenů druhu *E. adenoides*, které se lišily morfologií oocyst do takové míry, že jeden kmen byl původně považován za jiný druh. Pomocí analýzy genu 18S a testů křížové imunity jsme dokázali, že oba tyto kmeny představují jeden a tentýž druh.