

NÁZEV:

Mutační a substituční tempo u sexuálních a klonálních forem: možný klíč k vysvětlení persistence sexu u modelové skupiny sekavců?

AUTOR:

Jan Röslein

KATEDRA (ÚSTAV):

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AVČR, v.v.i.

VEDOUCÍ PRÁCE:

Mgr. Karel Janko, Ph.D.

ABSTRAKT:

Předmětem diplomové práce je testování několika hypotéz o evoluci asexuálního rozmnožování u modelové skupiny ryb rodu sekavec a jeho udržení při vzájemné kompetici sexuálních a asexuálních forem, čímž se dotkne jedné z nejstarších a zároveň nevyřešených otázek biologie. Konkrétně se práce zabývá otázkou akumulace nesynonymních mutací, jejichž zrychlená akumulace v genomu klonálních linií teoreticky vede ke zvýšené extinkci oproti sexuálně se množícím populacím (tzv. teorie Mullerovy rohatky a Kondrashovovy sekerky). Diplomová práce je založena na sekvenačních datech normalizované cDNA tkáně oocytů a jater, která posloužila jako základní matrice pro vytvořený transkriptom a dat nenormalizované cDNA sekvenace (RNAseq), jež posloužily k validaci získaných polymorfismů, detekci diferenciální exprese a alelově specifické exprese (ASE) hybridních biotypů. Diplomová práce tedy nastiňuje široké spektrum hypotéz týkajících se evoluce hybridních linií rodu sekavec, dále též následků, vlivů polyplidizace a hybridizace na transkriptom. Výsledky evoluce hybridních linií poukazují na zvýšenou akumulaci nesynonymních mutací v genomu hybridních linií v závislosti na jejich stáří, která nicméně prozatím nevede k znatelné degeneraci hybridních linií. Získaný pohled na transkriptom oocytů mezi asexuálními a sexuálními jedinci odpovídá zjištěním recentních poznatků a odhaluje velké množství nevysvětlených fenoménů, které mohou mít funkční selekčně pozitivní či negativní vliv na gynogentické jedince. Z hlediska ASE se hybridní jedinci jeví vyváženě v závislosti na složení genomu.

KLÍČOVÁ SLOVA:

Evoluce sexu, gynogeneze, akumulace škodlivých mutací, sekvenování nové generace, alelově specifická exprese, hybridizace