

Abstrakt

Paprskoploutvé ryby (Actinopterygii) jsou druhově nejpočetnější skupinou obratlovců na zemi. Většinu jejich druhové diverzity tvoří ryby kostnaté (Teleostei), jejichž evoluční úspěch bývá spojován s celogenomovou duplikací, která nastala u vzniku této skupiny, tj. po jejich divergenci od ostatních paprskoploutvých ryb. I přes vzrůstající počet genomických a transkriptomických studií je dosud nejvíce informací o genomech ryb známo na úrovni měření obsahů DNA a analýzy karyotypů. Genomy paprskoploutvých a zejména kostnatých ryb jsou značně dynamické a obsahují pestrou škálu repetitivních sekvencí, jejichž variabilita stojí za pozoruhodným rozpětím ve velikostech jejich genomů a má vliv i na diferenciaci karyotypů. Paprskoploutvé ryby jsou proto vhodným modelem pro řadu studií, jejichž cílem je objasnit úlohu genomové variability v procesu evoluce, morfologické a ekologické diverzifikace a adaptace. Zejména mapování repetitivních sekvencí metodou fluorescenční *in situ* hybridizace (FISH) přineslo v posledních dvou desetiletích poznatky velice užitečné při utváření představ o architektuře rybích genomů a při řešení nejrůznějších evolučních, taxonomických a ekologických otázek. Tato práce se zabývá studiem dynamiky karyotypů, repetitivních sekvencí a polyploidizace u vybraných druhů Teleostei a Chondrostei, jejichž ekologicko-evoluční charakteristiky nabízejí možnost konfrontovat tyto výsledky s komplexnější problematikou. Vedle metod konvenční cytogenetiky bylo zahrnuto mapování genů pro ribozomální RNA, retrotranspozónů a telomerických (TTAGGG)_n repetitivních sekvencí metodou FISH a mezidruhové srovnávací analýzy metodou komparativní genomové hybridizace (CGH) a genomové *in situ* hybridizace (GISH). Naše výsledky ukazují, že dynamika a variabilita repetitivních sekvencí mohou hrát podstatnou úlohu v ekologické adaptaci, speciaci a evoluci polyploidních genomů a to i v kontrastu s relativně stabilní makrostrukturou karyotypů (především diploidního počtu chromozómů, 2n). Výsledky této práce prokazují, že molekulárně-cytogenetický přístup je stále plodnou disciplínou, která je schopná vnést světlo do řady dosud neobjasněných témat na úrovni vztahu genomu a evoluce/ekologie rybích druhů a ukazuje důležitost integrace cytogenetických/cytogenomických dat s výsledky jiných vědeckých přístupů.