

Abstrakt: Předpokládá se, že geny ovlivňující reprodukci hrají důležitou roli jak v adaptivní evoluci, tak ve speciaci. U ptáků však zatím neexistuje mnoho informací o molekulární evoluci těchto genů. Tato práce se zabývá identifikací reprodukčních genů podléhajících pozitivní selekci v genomech pěvců a analýzou jejich funkcí. Ze 14 publikovaných genomů jsme nejdříve sestavili 12000 skupin ortologních genů a v 385 z nich existujícími metodami detekovali stopy dlouhodobé pozitivní selekce. Díky publikovaným proteomickým datům jsme celogenomový soubor genů mohli zúžit na geny exprimované ve spermiích a v tekutinách ze samičího pohlavního traktu. Ve spermiích pozitivní selekce působila na 22 z 940 exprimovaných genů, zatímco v samičích tekutinách jen na 6 z 529, což poukazuje na konzervativnější chování proteinů v samičích tekutinách. Následně jsme detekovali nadměrné zastoupení jednotlivých funkcí proteinů tak, jak jsou popsány v gene ontology. U spermií naše výsledky poukázaly na evoluční tlak působící zejména na jejich cytoskelet, molekulární motory a energetický metabolismus, což naznačuje důležitost morfologie spermií a rychlosti jejich pohybu. Napříč celým genomem pak výsledky nejen potvrzovaly výsledky získané u spermií, ale též poukazovaly na pozitivní selekci procesů spjatých s mitózou a meiózou. Tyto procesy jsou u pěvců zajímavé proto, že by mohli hrát roli v sobeckém chování pro ně unikátního zárodečně omezeného chromozomu.