

Endogenní retroviry (ERV) vznikají retrovirovou infekcí zárodečné linie a následným přenosem do dalších generací podle pravidel Mendelovy dědičnosti. Až na pár výjimek jsou všechny druhy savčích ERV evolučně staré a fixované v populaci svých hostitelských druhů.

O některých skupinách retrovirů se předpokládalo, že nejsou schopny vytvářet endogenní kopie. Objevili jsme další příklad endogenního Lentiviru a první endogenní Deltaretrovirus. Obě tyto skupiny byly dříve považovány za neschopny vytvářet endogenní kopie. Endogenní lentiviry byly objeveny pouze nedávno a stále se považují za velmi vzácné. Toto jsou stále jen minoritní důkazy z kterých nemůžeme získat celkový obraz o průběhu virové endogenizace. Popsali jsme nový endogenní Lentivirus v genomu letuchy malajské (*Galeopterus variegatus*) a nazvali ho ELVgv (endogenous Lentivirus of *G. variegatus*). Na základě několika analýz jsme dokázali, že se jedná o nejstarší dosud objevený Lentivirus, a potvrdili jsme jeho přítomnost v jediném jiném současném druhu Dermopter - *Cynocephalus volans*.

Endogenní deltaretroviry byly poslední retrovirovou skupinou bez nalezeného endogenního člena. Našli jsme zbytky endogenního Deltaretroviru v genomu netopýra létavce natalského (*Miniopterus natalensis*). Tato retrovirová sekvence byla přítomna v genomu pouze v jedné kopii. Následně jsme tento provirus amplifikovali pomocí PCR a osekvenovali také z jiných příbuzných druhů čeledi Miniopteridae.

Kromě vyplnění mezery v typech endogenních retrovirových kopií nalezených v hostitelských genomech jsme se dále snažili rozšířit současné poznatky o vlatním procesu retrovirové endogenizace. Procesy doprovázející endogenizaci a vlastnosti virů schopných endogenizace nejsou stále dostatečně objasněny.

To je částečně zapříčiněno chybějícím vhodným modelovým systémem pro endogenizaci. Jako vhodný model navrhujeme ERV jelence ušatého (*Odocoileus hemionus*), který vytváří nové inserce v zárodečných buňkách v populaci svého hostitele v nedávne evoluci, a může sloužit jako důležitý model pro studium procesu retrovirové endogenizace. Popsali jsme kompletní sekvenci genomu jelenčího ERV, nazvaného cervid endogenous retrovirus (CrERV). V předchozích studiích byly charakterizovány tisíce vysoce polymorfních integrací CrERV v přibližně 50 zvířatech. Tento pozoruhodný inserční polymorfismus v populaci severoamerických

jelenců, s jednotlivými integracemi CrERV typickými pro konkrétní geografické lokality, naznačuje předpokládaný mladý evoluční věk viru a také současně probíhající proces endogenizace.

Provedli jsme experimenty zaměřené na charakterizaci CrERV z virologického hlediska a na vysvětlení bloků retrovirového replikačního cyklu, protože CrERV vykazuje xenotropismus navzdory efektivnímu vytváření nových zárodečných kopií. Tyto experimenty byly úspěšné jenom zčásti a mnohé otázky zůstaly stále otevřené. Kromě těchto experimentů jsme se dále snažili sestavit sekvence retrovirových restrikčních faktorů z genomů jelenovitých druhů a provést analýzy na možnou přítomnost pozitivního selekčního tlaku

Dále jsme se pokusili objasnit přítomnost replikačního bloku virů s amfotropní retrovirovou obálkou na linii ovarialních buněk čínského křečka (Chinese hamster ovary cells - CHOK1). Předpokládáme, že tyto buňky (hojně využívané v biotechnologii) v sobě nesou endogenní retrovirus neschopný produkce infekčních částic, ale schopný produkce a sekrece defektního obalového glykoproteinu (Env). Tento glykoprotein může působit inhibičně na infekci exogenním retrovirem, mechanismem kompetitivní inhibice na virovém receptoru.