

INFORMAČNÍ LISTY



Zpráva o činnosti výboru a aktivitách společnosti GSGM, z.s. za uplynulé období (2015 – 2018) přednesená na Valném shromáždění konaném dne 13. 9. 2018 v rámci Genetické konference v Bratislavě

Výbor GSGM pracoval v uplynulém volebním období ve složení: předseda – J. Doškař, místopředsedové – J. Relichová, S. Zadražil, L. Tomáška, tajemnice – M. Kočová, hospodáři: za ČR – A. Knoll, za SR – M. Slaninová, hlavní redaktor IL – J. Šmarda, korektoři D. Holá, O. Šeda, A. Ševčovičová, správce webových stránek A. Knoll, organizace soutěže o Cenu GSGM pro mladé vědecké pracovníky – T. Mašek, K. Zelený, revizoři účtů – E. Čellárová, a J. Nešvera.

Výbor GSGM se scházel pravidelně 2x do roka v podzimním (listopad) a v jarním (květen) termínu. Za poslední funkční období se výbor sešel celkem na 8 schůzích, na nichž projednal aktuální úkoly vztahující se k činnosti Společnosti. Na každé ze schůzí byl projednán a schválen obsah Informačních listů GSGM, kterých bylo v uplynulém období vydáno celkem 8 čísel (č. 44 – 51). Obsah a grafická úroveň všech čísel si udržely zásluhou redaktora J. Šmardy vysoký standard, podařilo se zařadit hodnotné přehledné články českých a slovenských autorů zaměřené do různých oblastí genetiky, dále kratší sdělení o činnosti spolupracujících pracovišť a informace o konání výstav, vědeckých konferencí včetně podrobné informace o průběhu a hodnocení Genetické konference GSGM pořádané v září 2014 v Průhonicích. Pravidelně se objevovaly informace o činnosti a akcích pořádaných Mendelianem a Mendelovým muzeem MU v Brně. Součástí všech Informačních listů byly zápisy z jednání výborových schůzí a dále pak přehledy o hospodaření Společnosti, které i v minulém období vykázalo pozitivní bilanci.

Kladně lze hodnotit, že se daří průběžně aktualizovat v uplynulém období inovované webové stránky (<http://www.gsgm.cz>), na nichž jsou zveřejňovány všechny podstatné informace o činnosti GSGM (zajišťuje správce těchto stránek A. Knoll).

Díky M. Kočové je průběžně vedena evidence stávajících členů GSGM a aktualizován seznam jejich elektronických adres, které se ukázaly jako velmi přínosné pro rozesílání informací týkajících se pořádání akcí GSGM a při organizaci voleb do výboru pro příští období.

Členská základna Společnosti se za poslední období rozrostla o celkem 20 nově přijatých členů (ČR = 9, SR = 11) a v současné době je tak v GSGM evidováno celkem 138 členů, z toho 88 v ČR a 50 v SR.

V prosinci 2016 bylo v IL č. 48 uveřejněno vyhlášení dalšího v pořadí již šestého kola soutěže o Cenu GSGM pro období 2017 – 2018 pro mladé vědecké pracovníky. Do uzávěrky (duben 2018) podalo přihlášky celkem 7 soutěžících, z nichž byl odbornou komisí sestavenou z členů výboru GSGM jako vítěz vyhodnocen dr. Alexandr Sember. Stejně jako v minulém kole je Cena finančně dotována firmou M.G.P., s.r.o. Zlín a vítězi byla předána na Genetické konferenci v září 2018 v Bratislavě, kde dr. Sember přednesl svou přednášku.

Od r. 2016 se výbor zaměřil na přípravu Genetické konference GSGM 2018, která proběhla ve dnech 12. – 14. 9. 2018 na Přírodovědecké fakultě v Bratislavě. Organizační výbor konference vedený prof. Tomáškou spolu se členy výboru GSGM z Katedry genetiky PrF UK zajistil jako přednášející přední odborníky z České a Slovenské republiky i bo-

hatý společenský program. Veškeré informace o konání konference byly vyvěšeny na webových stránkách GSGM. Celkové zhodnocení konference vyjde v následujícím čísle IL.

Výbor opakovaně v IL uveřejňoval výzvy a připomínal členům jejich základní povinnost, a to zaplacení členského příspěvku za kalendářní rok vždy nejpozději do února příslušného roku. Je potěšitelné, že se platební morálka v uplynulém období mírně zlepšila.

V souvislosti s novým občanským zákoníkem byly připraveny všechny potřebné dokumenty a splněny požadované náležitosti nezbytné pro zapsání GSGM jako spolku u Krajského soudu v Brně. Předpokladem pro zapsání sídla GSGM do spolkového rejstříku bylo uzavření Nájemní smlouvy s Masarykovou univerzitou. Sídlem spolku je nadále PŘF MU, s adresou Kotlářská 2, 602 00 Brno. Zápis do rejstříku si vyžádal rovněž provedení několika změn ve stanovách GSGM, které připravily dr. Kočová a doc. Holá a které byly předloženy valnému shromáždění a následně schváleny plénem GSGM (platnost od 1.1.2017). Provedené změny významně zjednodušují úkony související s projednáváním a schvalováním návrhů předkládaných členské základně.

Ke zcela novým aktivitám GSGM patřilo uspořádání tzv. Edukačních seminářů, které se uskutečnily v uplynulých třech letech (2015, 2016 a 2017) vždy na jaře v prostorách Mendelova muzea v Brně. Semináře byly zaměřeny na výměnu informací o výuce genetiky a molekulární biologie na jednotlivých stupních studia na vysokých školách v České a Slovenské republice. Semináře byly početně navštíveny a setkaly se s velmi dobrým ohlasem jak členů, tak i nečlenů GSGM, a společnost v nich bude i nadále pokračovat. Je třeba poděkovat prof. Tomáškoví, který pořádání těchto seminářů inicioval a spolu se členy výboru připravil jejich program. Podrobné informace o seminářích byly zveřejněny v IL.

Členové výboru projednali na poslední schůzi přípravu voleb výboru a revizorů účtů GSGM pro příští funkční období. Tajemnice dr. Kočová připravila formuláře s výzvou pro podání návrhů na kandidáty do nového výboru a na revizory účtů. Tyto formuláře byly zaslány s odpovídajícím předstihem společně s pozvánkou na valné shromáždění, jehož program připravil a schválil výbor, všem členům spolku. Návrhy na kandidáty přijímala a zpracovala do hlasovacího lístku doc. Holá. Hlasovací lístky dostali všichni přítomní členové spolku před začátkem valného shromáždění, které bylo svoláno u příležitosti konání Genetické konference na 13. 9. 2018 od 18:30 do kongresového sálu hotelu Družba v Bratislavě. Zpráva o valném shromáždění a výsledku voleb jsou součástí tohoto čísla Informačních listů.

Výbor se rozhodl navrhnout udělení čestného členství GSGM jejím dlouholetým funkcionářům a významným osobnostem z řad genetiků působících v ČR a SR, a to PhDr. Anně Matalové, prof. RNDr. Stanislavu Zadražilovi, DrSc., prof. RNDr. Danielu Vlčkovi, DrSc. a doc. RNDr. Vladimíru Ferákovi, CSc. Návrh byl předložen valnému shromáždění a byl jednomyslně schválen.

V období 2014 – 2017 revizoři účtů pravidelně kontrolovali hospodaření GSGM a nezjistili žádné nedostatky. Podle vyúčtování hospodaření GSGM v uvedeném období příjmy převažovaly v celkovém objemu nad výdaji, takže zůstatek k 31.12.2017 činil 31931,54 Kč v ČR a 1026,29 EUR v SR. Příjmy z členských příspěvků byly účelně využity, zejména na vydávání Informačních listů GSGM, na korespondenci a na popularizační aktivity.

Celkově lze konstatovat, že v uplynulém období činnost GSGM z.s. úspěšně pokračovala a rozvíjela se. Po zvolení nového výboru bude jeho úkolem vytýčit další směry činnosti, které by byly přínosné i pro širší genetickou veřejnost.

Za výbor GSGM
J. Doškař

Výsledky voleb do výboru GSGM a do funkce revizorů účtů pro období 2019 - 2021

Na valném shromáždění, které se konalo 13. 9. 2018 u příležitosti Genetické konference v Bratislavě (12. až 14. 9. 2018), se uskutečnila volba členů výboru GSGM a revizorů účtů GSGM pro funkční období 2019 – 2021. Valného shromáždění se zúčastnilo 34 členů GSGM a proběhlo v souladu s článkem V., odst. 1.1.4 Stanov GSGM. V předem stanoveném období byli všichni členové GSGM písemně vyzváni k podávání návrhů kandidátů do nově volených orgánů. Ke schválení bylo předloženo 17 návrhů na kandidáty do výboru GSGM (13 z ČR, 4 ze SR) a 3 návrhy na revizory účtů (2 z ČR, 1 ze SR). Před zahájením voleb valné shromáždění jednomyslně schválilo volební komisi (Relichová, Kočová), která informovala o následném způsobu voleb. Všichni přítomní členové obdrželi hlasovací lístky s kandidáty do výboru a na revizory účtů a proběhlo hlasování. Bylo odevzdáno 34 hlasovacích lístků a všechny odevzdané lístky byly platné. Komise bezprostředně po odevzdání hlasovacích lístků sečetla hlasy, které jednotliví kandidáti získali, a valnému shromáždění oznámila výsledky voleb. Do nového výboru byli v pořadí podle počtu hlasů zvoleni Tomáška, Doškař, Slaninová, Ševčovičová, Kočová, Šmarda, Holá, Zelený, Sember, Knoll, Lízal, Šeda, Zadražil. Revizory účtů byli zvoleni Čellárová (za SR), Mašek (za ČR). Vzhledem k tomu, že prof. RNDr. Stanislav Zadražil, DrSc. posléze na funkci v novém výboru GSGM rezignoval, na základě výsledků voleb postoupil do nově zvoleného výboru jako další právoplatně zvolený kandidát prof. ing. Tomáš Urban, Ph.D.

Nový výbor byl uvedený do funkce na podzimní schůzi výboru GSGM a zahájí činnost od 1. 1. 2019.

Za výbor GSGM
M. Kočová

Vyhlášení vítěze Ceny GSGM pro rok 2018

Výbor GSGM obdržel v požadovaném termínu celkem 7 přihlášek do soutěže o Cenu GSGM. Přihlášky jednotlivých uchazečů byly vyhodnoceny tříčlennou komisí, která byla k tomuto účelu ustanovena na schůzi výboru 9. 5. 2018 v Brně. Komise při posuzování přihlášek brala v úvahu jako hlavní kritéria zejména ucelenost a tématickou provázanost předloženého souboru publikací, počet publikací a jejich typ, IF časopisu a jeho pořadí v kategorii WOS, velikost autorského kolektivu a pořadí uchazeče v tomto kolektivu (včetně ohledu na prvoautorství, sdílené prvoautorství nebo skutečnost, že uchazeč je korespondujícím autorem). Na základě tohoto vyhodnocení komise doporučila členům výboru stanovit následující pořadí soutěžících:

1. místo: Mgr. Alexandr Sember, Ph.D., Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i., Liběchov

2. místo: Mgr. Ivana Mašlaňová, Ph.D., Masarykova univerzita, Přírodovědecká fakulta, Ústav experimentální biologie, Brno

3. místo: doc. MUDr. Mgr. Marek Mráz, Ph.D., Středoevropský technologický institut (CEITEC) a Fakultní nemocnice Brno (IHOK), Brno

4. až 7. místo: Ing. Veronika Vymetálková, Ph.D., Ústav experimentální medicíny AV ČR, v.v.i., Praha; Mgr. Martina Čížková, Archeologický ústav AV ČR, v.v.i., Praha; Mgr. Roman Šolc, Ph.D., Univerzita Karlova, Přírodovědecká fakulta, katedra antropologie a genetiky člověka, Praha; Ing., EUR Ing. Matúš Hornáček, Univerzita Karlova, 1. lékařská fakulta, Ústav biologie a lékařské genetiky a Všeobecná fakultní nemocnice, Praha.

Výbor GSGM s tímto pořadím soutěžících souhlasil. Vítězem soutěže se tedy stal Mgr. Alexandr Sember, Ph.D. Blahopřejeme!

Za výbor GSGM
D. Holá

**Zápis ze schůze výboru Genetické společnosti Gregora Mendela, z.s., konané dne
12. 12. 2018 v Brně**

Přítomni: Čellárová, Doškař, Holá, Knoll, Kočová, Lízal, Mašek, Sember, Šeda, Ševčovičová, Šmarda, Tomáška, Urban, Zadražil

Omluveni: Slaninová, Nešvera, Zelený

Program schůze:

1. Kontrola zápisu z minulé schůze výboru
2. Zpráva o činnosti výboru a aktivitách GSGM za uplynulé období (2015 – 2018)
3. Informace o genetické konferenci GSGM, která se konala v září 2018 v Bratislavě
4. Informace o valném shromáždění, které bylo svoláno u příležitosti konference
5. Výsledky voleb do výboru GSGM a revizorů spolku na funkční období 2019 – 2021
6. Volba předsedy a dalších funkcionářů spolku
7. Projednání nových přihlášek za člena GSGM a informace o ukončení členství
8. Zhodnocení posledního čísla IL a příprava dalšího vydání
9. Plánované aktivity výboru v nadcházejícím období
10. Různé

Předseda zahájil schůzi uvítáním nově zvolených členů výboru (Lízal, Sember, Urban) a uvedl program schůze, který byl přijatý. Schůze následně pokračovala v souladu s tímto programem.

ad 1)

Kontrola zápisu z minulé schůze výboru GSGM z 9. 5. 2018 proběhla bez připomínek a nebyly shledány žádné nesplněné úkoly z předchozího období.

ad 2)

Předseda seznámil členy výboru se zprávou o činnosti výboru za uplynulé funkční období a následně komentoval hlavní body zprávy. Zmínil výbornou úroveň pravidelně vydávaných Informačních listů spolku a průběžnou aktualizaci webových stránek. Stručně informoval o činnosti výboru v uplynulém období pro zajištění běžné agendy a fungování spolku. Ve zprávě je dále uvedeno a pozitivně hodnoceno organizování Edukačních seminářů zaměřených na výuku genetiky na českých a slovenských univerzitách a vysokých školách. Předseda dále vyzdvihl značné úsilí členů výboru při přípravě a schválení nových Stanov spolku a všech úředních úkonech, které byly spojeny se změnou statutu spolku v souvislosti se změnou občanského zákoníku. Činnost výboru v uplynulém období byla završena Genetickou konferencí v Bratislavě, která byla výborně připravená a těšila se velkému zájmu členů i nečlenů spolku. V závěru zprávy o činnosti zmínil předseda přípravu a průběh voleb do výboru GSGM pro období 2019 – 2021. Součástí zprávy je rovněž informace o hospodaření spolku. Ve zprávě je dále uvedeno, že v uplynulém období bylo navrženo a schváleno udělení čestného členství prof. RNDr. Stanislavu Zadražilovi,

DrSc., PhDr. Anně Matalové, prof. RNDr. Danielu Vlčkovi, DrSc. a doc. RNDr. Vladimíru Ferákovi, CSc., kteří se významným způsobem zasloužili o rozvoj genetiky. Výbor souhlasil se zněním zprávy o činnosti a jejím publikováním v Informačních listech GSGM.

ad 3)

Členové výboru hodnotili velmi kladně přípravu i průběh Genetické konference, která se konala 12. - 14. 9. 2018 v Bratislavě. Hlavní organizátor konference, prof. Tomáška, informoval výbor o některých organizačních aspektech, které je vhodné předem zohlednit při přípravě budoucích konferencí, zejména dodržování časového harmonogramu a nastavení časových limitů tak, aby bylo více času pro následné odborné diskuze.

ad 4,5)

Předseda a tajemnice informovali stručně o průběhu valného shromáždění, které se konalo u příležitosti Genetické konference v Bratislavě. Na valném shromáždění byla přednesena zpráva o činnosti a byl představen návrh kandidátů do výboru GSGM a na revizory účtů pro nové funkční období. Následně proběhla volba členů výboru a revizorů spolku na období 2019 – 2021. Tajemnice dále detailně informovala členy výboru o přípravě voleb, návrhu kandidátů a o průběhu voleb. Výsledky voleb budou zveřejněny jako samostatný příspěvek v Informačních listech.

ad 6)

Výbor zvolil tajným hlasováním předsedu (Doškař), dva místopředsedy (Tomáška, Šeda), tajemníka (Kočová), a dva hospodáře (Knoll, Slaninová) pro období 2019 – 2021. Hlavní redaktor Informačních listů (Šmarda) souhlasil i v nadcházejícím období s vedením agendy související s pravidelným vydáváním IL. Zvolení funkcionáři i ostatní členové výboru budou společně připravovat a realizovat akce spolku, informovat členskou základnu o aktivitách spolku a dále rozvíjet jeho činnost.

ad 7)

Výbor obdržel v uplynulém období 6 nových přihlášek (5 ze SR, 1 z ČR), které byly projednány a jednomyslně schváleny. Noví členové spolku doc. Ing. PaedDr. Jana Žiarovská, Ph.D., Mgr. Katarína Procházková, Ph.D., Mgr. Filip Brázdovič, RNDr. Daniela Gašperíková, DrSc., RNDr. Dominik Filip, CSc. a Mgr. Ivana Mašlaňová, Ph.D. budou informováni o právech a povinnostech členů GSGM, budou pravidelně dostávat Informační listy GSGM a budou průběžně informováni o aktivitách spolku. Výboru byla doručena žádost prof. MUDr. Evžena Weigla, CSc. o ukončení členství v GSGM. Řádné členství na jeho vlastní žádost zaniklo 23. 10. 2018.

ad 8)

Výbor rozhodl poslední vydání IL a hlavní redaktor prof. Šmarda informoval o přípravě nového čísla, které bude obsahovat zprávu o činnosti GSGM v uplynulém funkčním období výboru a zprávu o výsledku voleb do výboru na období 2019 – 2021 (zodpovídá Doškař, Kočová). Součástí nového čísla IL bude informace o výsledku soutěže o Cenu GSGM (zodpovídá Holá) a příspěvek výherce soutěže (zodpovídá Sember). Součástí nového vydání IL bude dále zpráva o průběhu Genetické konference v Bratislavě (zodpovídá Tomáška) a příspěvek „Genetika v premenách času“, který připravila prof. Čellárová

u příležitosti 50. výročí institucionalizace genetiky na Přírodovědecké fakultě Univerzity P. J. Šafárika v Košicích.

ad 9)

Členové výboru diskutovali možné aktivity spolku v nadcházejícím období. Jednoznačně se shodli na pokračování úspěšného cyklu Edukačních seminářů, jejichž předchozí 3 ročníky byly zaměřeny na výuku genetiky na českých a slovenských univerzitách a vysokých školách. Hlavní organizátor předchozích cyklů, prof. Tomáška, navrhl zaměřit seminář na výuku genetiky na gymnáziích a středních školách s přírodovědným zaměřením, na úlohu vysokoškolských pedagogů ve zvyšování úrovně výuky genetiky na středních školách a na popularizaci genetiky pro širší veřejnost. Holá a Čellárová konstatovaly, že by to mohlo být příliš široké téma a navrhly popularizaci genetiky pro veřejnost vyčlenit jako téma pro samostatný Edukační seminář v r. 2020. Členové výboru s tímto návrhem souhlasili. Poté se konkrétněji diskutovala náplň semináře na rok. 2019, přičemž zazněla řada podnětů od různých členů výboru. Rámcová náplň semináře bude upřesněna v průběhu ledna 2019 (zodpovídá Tomáška) a poté definitivně upravena. Předpokládaný termín konání semináře je konec května 2019, dohodu s ředitelem Mendelova muzea zajistí Doškař.

ad 10)

Diskutovalo se, zda bude i v budoucnu výbor GSGM vyhlašovat soutěž o Cenu GSGM. Členové výboru se shodli na tom, že by bylo vhodné soutěž zachovat, pokud bude i nadále sponzor ceny MGP Zlín ochotný cenu finančně zajišťovat. Předseda projedná tuto záležitost s Dr. Zeleným. Mašek z pozice nově zvoleného revizora účtů za ČR požádal hospodáře o průběžné zasílání kopií výpisů účtů. Výbor a hospodář (Knoll) souhlasili. Doškař požádal přítomné členy výboru o revizi připraveného seznamu členů spolku a doplnění / změnu údajů u těch členů, u nichž je změna známá. Současně požádal o aktualizaci seznamu členů GSGM z ČR i SR na webových stránkách GSGM tak, aby seznam odpovídal aktuálnímu stavu členské základny a údajům u jednotlivých členů. Holá vznesla dotaz na platební morálku členů spolku a výbor souhlasí, aby součástí výzvy k zaplacení členských příspěvků za rok 2019 byla i výzva k uhrazení dlužných částek některých členů spolku za předchozí roky. V případě trvajících neuhrazení dlužných částek bude postupováno v souladu se stanovami spolku.

Zapsala: M. Kočová

Konferencia GSGM 2018, alebo Genetika na vlnách Hummela

Rok 2018 je v našich končinách zvlášť bohatý na dôležité výročia. Napríklad 14. novembra 1778 sa v Bratislave narodil výnimočný hudobník, Beethovenov rovesník a Mozartov žiak, Ján Nepomuk Hummel (1778 – 1837). Práve jeho hudba znela v prestávkach konferencie, ktorú organizovala česká a slovenská Genetická spoločnosť Gregora Mendela (GSGM) 12. – 14. septembra 2018 v Kongresovom centre Družba v Bratislave (<https://fns.uniba.sk/gsgm2018/>). Na takmer 200 účastníkov čakalo sedem odborných sekcií ponúkajúcich 26 plenárnych prednášok trinástich českých a trinástich slovenských rečníkov, niekoľko desiatok posterových prezentácií spojených so súťažou o najlepší poster, vyhlásenie ceny GSGM sponzorovanej firmou MGP, približne 20 expozícií slovenských a českých firiem (a sponzorov konferencie) a v neposlednom rade množstvo príležitostí na neformálne diskusie počas prestávok v priestoroch kongresového centra, či prechádzok po vynovenej promenáde popri Dunaji.

Ako zdôraznil vo svojom otváracom prejave predseda GSGM prof. Jiří Doškař (Masarykova univerzita, Brno), konferencie GSGM sa organizujú v 3 – 4 ročných intervaloch a ich cieľom je udržiavať existujúce a nadväzovať nové kontakty českých a slovenských genetikov. Takzvané osmičkové roky pre organizovanie konferencie v Bratislave volíme zámerne, okrem iného aj preto, že Katedre genetiky Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského (PriF UK) to umožňuje pripomenúť si okrúhle výročie od jej založenia a využiť konferenciu ako miesto, kde sa môžu stretnúť jej bývalí a súčasní učitelia, pracovníci, absolventi a študenti a tak udržiavať spolok *alumni* katedry. Okrem 50. výročia katedry sme tento ročník venovali aj udalosti, ktorá nielen priamo súvisí s jej existenciou, ale úplne bezprostredne aj so založením Univerzity Komenského. Vznik Československa v októbri 1918 bol takmer okamžite, v máji 1919, nasledovaný cestou siedmich českých profesorov Univerzity Karlovej (vtedy Karlo-Ferdinandovej) do Bratislavy, aby s dr. Vavrom Šrobárom (vtedajším ministrom s plnou mocou pre správu Slovenska) vyjednali vznik slovenskej univerzity, ktorá by nahradila krátkožijúcu (1912 – 1919) Alžbetínsku univerzitu. Výsledky tejto návštevy, vedenej prof. Karlom Hynkom (prvým rektorom UK) neboli veľmi povzbudivé, v Bratislave nenašli veľa podpory a bolo potrebné vynaložiť značné diplomatické úsilie presvedčiť prezidenta Masaryka o dôležitosti založenia slovenskej univerzity v Bratislave. Výsledkom tohto úsilia bol štvorvetový zákon, na základe ktorého vznikla Československá štátna univerzita v Bratislave, o pár mesiacov premenovaná na Univerzitu Komenského (UK). 20 rokov, celkom nenáhodne do roku 1939, na jej čele stálo 18 českých rektorov, ktorí založili tradíciu, z ktorej máme možnosť ťažiť dodnes.

Vznik Československa, ktorého 100. výročie si tento rok pripomíname, je nepochybne najvýznamnejšou príležitosťou na oslavy tohto roku v oboch dnes už samostatných štátoch. Prepletenie osudov, rodinných, priateľských, profesionálnych ilustruje aj komunita českých a slovenských genetikov a GSGM, ktorá sa rozhodla nedeliť na republikové sekcie a zdieľať takéto fóra na výmenu odborných poznatkov, a na utužovanie osobných väzieb. Fakt, že sa tento ročník uskutočňuje na pôde Univerzity, na ktorej aktuálne prebieha 100. školský rok práve vďaka vzniku Československa, je viac ako symbolické a vo svojom uvítacom prejave to podčiarkol aj rektor UK prof. Karol Mičieta.

Československé vzťahy významnou mierou ovplyvnili aj rozvoj Prírodovedeckej fakulty UK. Či už pôsobením českých prírodovedcov na viacerých katedrách, alebo príchodom vtedy mladých slovenských absolventov českých univerzít na fakultu, kde založili významné vedecké školy a rešpektované pracoviská. Dnes to českým univerzitám a akademickým pracoviskám vraciame v podobe našich absolventov, takže keď prídeme napríklad do kampusu Masarykovej univerzity, cítime sa ako doma (a veríme, že postupne začne byť tok študentov obojsmerný). Každopádne, aj v súčasnosti veľa našich pracovníkov, včítane katedry genetiky, ťaží zo spolupráce s českými kolegami, ktorej základy často siahajú do obdobia existencie Československa. Ako metaforicky uviedol vo svojom príhovore dekan PriF UK doc. Milan Trizna, aj šťastie na spolupracovníkov, či už českých, zahraničných, alebo vnútrofakultných, kombinovaná s ambicióznym kolektívom a výbornými študentmi, je základom toho, že pracovisko sa na univerzitnej pôde teší rešpektu a jeho absolventi sa dokážu presadiť v náročnej konkurencii aj na prestížnych zahraničných inštitúciách.

Prvá sekcia konferencie nazvaná *Od Mendela po súčasnosť*, vychádzala z klasického členenia učebníc a základných kurzov genetiky, z ktorých každá začína Mendelovými pravidlami. Treba povedať, že na mnohých zahraničných školách zvažujú (napr. Dougherty, M.J. (2009). *Am. J. Hum. Genet.* 85: 6-12; Redfield, R.J. (2012). *PLoS Biol.* 10: e1001356), či je takéto členenie správne; keďže zatiaľčo rozsah kapitol venovanej mendelovskej dedičnosti ostáva rovnaký, stále viac pribúda tém, ktoré ukazujú (extrémne vyjadrené), že "všetko je inak". Tieto diskusie sú iste veľmi inšpiratívne a stoja na zamyslenie, zatiaľ však prevláda konzervatívny postoj. Mendelove experimenty a vlastne celý Mendelov život sú totiž ideálnym didaktickým príkladom na ktorom sa dajú ilustrovať mnohé dôležité odkazy aktuálne aj pre dnešných študentov. Napríklad, že skromné podmienky nevyklučujú možnosť veľkého objavu; aká je dôležitosť prajného prostredia a dobrého mentora (ako bol opát Napp); aká je esenciálna pracovitosť a vytrvalosť; aký veľký je význam všeobecného vzdelania pre riešenie špecifického problému; aká je dôležitá úloha intuície a šťastia; prečo je potrebné naučiť sa účinne propagovať výsledky svojej práce; a ako administratíva a prijatie vedúcej funkcie negatívne pôsobia na vedeckú produktivitu (v roku 1868 sa Mendel stal opäť a experimentovania sa postupne musel vzdať). Mendelov príbeh je zaujímavý aj tým, že o ňom stále nevieme úplne všetko; je stále známy i neznámy, tak ako ilustrovala prvá prednášajúca konferencie prof. Jiřina Relichová (Masarykova Univerzita, Brno). Ukázala, že historické témy, ktoré študenti v kurzoch príliš neobľubujú, dokážu byť fascinujúce a poučné.

Platí to nielen pre biografie jednotlivcov, ale aj inštitúcií a ich pracovísk. Prof. Daniel Vlček (Univerzita Komenského v Bratislave) to ilustroval na príbehu Katedry genetiky PriF UK, ktorú zhrnul vo faktograficky bohatom a zároveň rečnícky brilantnom príspevku. Okrem iného v ňom ukázal, že pri zrode katedry stáli dve ženy, ktoré boli v priamej akademickej rodokmeňovej línii zakladateľov modernej genetiky Thomasa H. Morgana (doc. Vlasta Kováčová) a Hermana J. Mullera (dr. Svetlana Podstavková). Obe tieto dámy zásadným spôsobom prispeli k rozvoju genetiky na Slovensku a zvlášť na PriF UK.

Noam Chomsky pred časom povedal: "Ak dnes učíte to, čo ste učili pred piatimi rokmi, mŕtvy je buď váš odbor, alebo ste mŕtvy vy." To, že to vo výučbe genetiky nehrozí, ilustrovali dve prednášky v druhej časti sekcie reprezentujúcej súčasnosť genetiky. Doc. Eduard Kejnovský (Biofyzikální ústav AV ČR, Brno) na viacerých príkladoch ukázal, že genómy sú extrémne dynamické a že na ich prestavbách sa podieľajú vo veľkej miere mobilné elementy typu transpozónov, plazmidov a vírusov (pre ktoré s prof. Edwardom N.

Trifonovom vymyslel ríšu Acytota). Prof. Jozef Gécz (University of Adelaide), absolvent Katedry genetiky (1986) a v súčasnosti jeden zo svetových lídrov v oblasti štúdia genetickej podstaty neurovývinových ochorení, vo svojej inšpiratívnej prednáške naznačil, ako sa v priebehu posledných rokov zmenil náš pohľad na mapovanie oblastí genómu zúčastnených v regulácii komplexných fenotypových prejavov.



V smere hodinových ručičiek zhora: čestní členovia Katedry genetiky PriF UK (1) prof. Jiřina Relichová a (2) doc. Vladimír Ferák a veční členovia Katedry (3) doc. Vlasta Kováčová a (4) prof. Daniel Vlček. Foto: (1,2) Andrea Cillingová (Katedra biochémie PriF UK; (3,4) Eliška Gálová (Katedra genetiky PriF UK).

Koniec prvého večera bol venovaný oceneniam tých, ktorí počas piatich dekád Katedry genetiky výrazne pomohli stať sa etablovaným pracoviskom. Laureátkou ceny Čestná členka Katedry genetiky sa stala jedna z našich najvernejších spolupracovníčok, prof. Jiřina Relichová, ktorá sa ako líderka edičného tímu zaslúžila o preklad učebnice Genetika (autori Snustad a Simmons), dnes k dispozícii už vo svojom druhom vydaní, čím poskytla veľkú pomoc komunitám slovenských a českých študentov a učiteľov.

Druhým oceneným je človek, ktorý ako vedec ovplyvnil niekoľko generácií slovenských genetičiek a genetikov, svojim pedagogickým majstrovstvom a osobným šarmom očaril stovky prírodovedkýň a aj prírodovedcov a založil školu humánnej genetiky, ktorá má veľký ohlas aj v zahraničí. Dlhoročný súpútnik nášho pracoviska a čerstvý Čestný člen Katedry genetiky, doc. Vladimír Ferák.

Tretím oceneným je muž, ktorý cenu čestný člen Katedry genetiky získať nemohol. Dôvodom je, že členom Katedry genetiky bol takmer od jej vzniku a je ním až doteraz. Jeho vernosť pracovisku, v dobrom i zlom, loajálny za každých okolností dnes emeritný profesor Univerzity Komenského. Nie čestný, ale Večný člen Katedry genetiky, prof. Daniel Vlček.

Poslednou ocenenou je dáma, ktorá stála pri zrode katedry genetiky PriF UK. Žena, ktorá si dokázala zachovať pevný charakter a rovný chrbát aj v zložitých a z pohľadu dnešných mladých ľudí čudných časoch. V časoch, keď to nebolo populárne a akokoľvek to znie absurdne, ani bezpečné, rozprávala študentom na neformálnych seminároch o prvej československej republike, o Štefánikovi, Masarykovi, o československých légiách a ich strastiplnej ceste z Ruska domov. Ale i o neoficiálnej literatúre, či filmoch, temnej dobe lysenkizmu v Československu i význame pražskej školy profesora Hrubého pre reštart genetiky na Slovensku. Nám, vtedy mladým ľuďom s konformným socialistickým vzdelaním ukázala, v čom tkvie podstata dobrého učiteľa: v kombinácii odbornej autority, všeobecného rozhľadu, a osobnej integrity. Pani docentka Vlasta Kováčová, Večná členka Katedry genetiky.

Doc. Juraj Gregáň (Vienna University a Univerzita Komenského) zostavil sekciu *Biológia chorozómov*, v ktorej prof. Jiří Fajkus (Masarykova Univerzita, Brno) ukázal originálny technický trik, ktorým jeho skupina odhalila dlhoročné tajomstvo primárnej sekvencie koncov chromozómov (telomér) u rastlín rodu *Allium*. Dr. Martin Anger (Výzkumný ústav veterinárního lékařství, Brno) ukázal fascinujúce videá deliacich sa buniek a pokúsil sa vysvetliť, prečo k poruchám v segregácii chromozómov dochádza častejšie v zárodočných ako v somatických bunkách a ako s tým súvisí kontrolný bod zodpovedný za skladanie deliaceho vretienka (*spindle assembly checkpoint*). Juraj Gregáň prezentoval, že metylácia nie je post-translačnou modifikáciou limitovanou iba na históny, ale ovplyvňuje aj aktivitu ďalších komponentov chromatinu, včítane podjednotiek kohezínu; komplexu zabezpečujúceho kohéziu sesterských chromatíd. Dr. Katarína Juríková (Univerzita Komenského) predstavila projekt ilustrujúci, ako rôzne sekundárne štruktúry DNA, ktoré sa s rôznou kinetikou tvoria na koncoch chromozómov, ovplyvňujú afinitu teloméruviažucich proteínov (konkrétne proteínu Cdc13 *kvasinky Saccharomyces cerevisiae*), a tak aj dynamiku telomér.

Sekciu *Genomika a evolučná genetika* zostavil a viedol prof. Jozef Nosek (Univerzita Komenského). Jeho prvý hosť, prof. Julius Lukeš (Parazitologický ústav AV ČR, České Budějovice) predstavil ohromujúcu diverzitu skupiny jednobunkových organizmov

zo skupiny Protista a ukázal, ako ich štúdium viedlo k odhaleniu mnohých fascinujúcich fenoménov. Jedným z nich je napríklad fakt, že u niektorých druhov (napr. *Blastocrithidia*) sa v rámci kódujúcich sekvencií nachádzajú tzv. STOP kodóny, ktoré za štandardných okolností zastavujú transláciu. Ako k tejto drastickej zmene genetického kódu došlo a ako ju "postihnutá" bunka rieši, boli jedny z viacerých zaujímavých otázok diskutovaných počas prednášky. Dr. Marek Mentel (Univerzita Komenského) precízne sumarizoval bioenergetické a cytologické argumenty, ktoré nepodporujú úlohu fagocytózy v pohltení proteobakteriálneho endosymbionta, ktorý sa stal základom mitochondrie eukaryotickej bunky. Doc. Marek Eliáš (Ostravská univerzita) ilustroval, ako sa elegantne dá využiť komparatívna genomika na virtuálnu rekonštrukciu a identifikáciu neznámych komponentov komplexných biologických systémov. Spolu s kolegami dokázal, že sekrečný systém typu 2, ktorý bol pôvodne popísaný iba u eubaktérií, je ancestrálnym znakom mitochondrií eukaryotov, pričom vykazuje funkčný vzťah s peroxizómami.

V sekcii *Genetika človeka* prof. Ľudevít Kádaši (Univerzita Komenského) v prehľadnej prednáške poukázal na často nenáhodnú distribúciu miest podliehajúcich mutáciám v ľudskom genóme a ich vzťah k špecifickej architektúre definovaných genómových oblastí. Dr. Renáta Gaillyová (Fakultní nemocnice, Brno) popísala špecifiká diagnostiky i manažmentu liečby pacientov so vzácnymi ochoreniami (definovanými ako ochorenia s výskytom nižším ako 1 pacient na 2000 zdravých ľudí). Dr. Ján Radvánszky (Biomedicínske centrum SAV, Bratislava) ukázal, ako sa postupne stiera rozdiel medzi mono- a polygénnymi dedičnými ochoreniami (či všeobecne fenotypmi) a aké výzvy to predstavuje pre budúcnosť medicíny. Dr. Roman Gardlík (Univerzita Komenského) ukončil sekciu prehľadom aktuálnych možností génovej terapie a limitáciami, ktoré obmedzujú ich rýchlejšie zavádzanie do klinickej praxe.

Sekciu *Udržiavanie stability genómu* začal doc. Lumír Krejčí (Masarykova Univerzita) prednáškou o elegantných biochemických štúdiách zameraných na pochopenie mechanizmov regulácie aktivity proteínu Rad51 počas resekcie a invázie jednovláknovej DNA do templátového dvojvlákna v priebehu prvých fáz homologickej rekombinácie. Dr. Martin Mistrík (Univerzita Palackého, Olomouc) ponúkol dva pekné príbehy naznačujúce spojitosť medzi poškodením DNA a proteotoxickým stresom, respektíve o možnom anti-onkogénnom mechanizme účinku disulfiram (Antabus) prostredníctvom indukcie agregácie proteínov. Dr. Miroslav Chovanec (Biomedicínske centrum SAV) sekciu uzavrel zaujímavou štúdiou na vzorke viac ako 100 pacientov s testikulárnymi nádormi, v ktorej ukázal možnosti využitia molekulárnych markerov z dráhy nukleotidovej excíznej opravy na prognózu liečby prostredníctvom chemoterapie na báze cis-platiny.

Prednášky z oblasti *Genetiky rastlín* otvorila prof. Eva Čellárová (Univerzita P.J. Šafárika v Košiciach) "detektívnym" príspevkom o vyhľadávaní génov kódujúcich enzýmy zúčastnené v syntéze zaujímavých sekundárnych metabolitov zo skupiny polyketidov (napr. hypericínu) u zástupcov rodu *Hypericum*. Prof. Jaroslav Doležel (Ústav experimentálnej botaniky AV ČR, Olomouc) odhalil ohromné možnosti, ktoré poskytuje unikátna technológia izolácie individuálnych chromozómov v komparatívnej a funkčnej genomike kultúrnych rastlín. Doc. Jan Hejátko (Masarykova Univerzita) ilustroval, do akej komplexnej siete je zapojená "mnohokroková fosforelá dráha" (*multistep phosphorely pathway*), ktorá je spúšťaná rastlinnými cytokínmi počas vývinu rastlín. Predstavil tiež unikátnu automatizovanú mikroskopickú stanicu umožňujúcu *high-throughput* analýzy preparátov mutantov s poruchou ontogenézy a následne výsledky štruktúrnych analýz proteínov, ktoré

naznačili, ako jedna a tá istá signálna dráha môže mať niekoľko kvalitatívne veľmi odlišných výstupov.



Dr. Alexandr Sember (vľavo) preberá Cenu GSGM od dr. Karla Zeleného (MGP spol. s r.o.). Foto: Andrea Cillingová (Katedra biochémie PriF UK).

Sekciu *Finále* začal dr. Dominik Filipp obsahovo i obrazovo aktraktívnou vizualizáciou experimentov demonštrujúcich (na príklade buniek imunitného systému), aké dôležité a zároveň ťažko interpretovateľné sú výsledky štúdií na jednobunkovej úrovni. Do istej miery, tak ako naznačoval názov jeho prednášky (*Impressionistic view of modern immunogenetics: when every cell matters*), populácie buniek pripomínajú impresionistické dielo, kde individuálne body dávajú zmysluplný obraz až po ich zložení do celku. V krátkych prednáškach, ktoré boli vybrané z poslaných abstraktov programovým výborom dr. Martina Škopková (Biomedicínske centrum SAV) poukázala na vysokú frekvenciu mutácií v géne *SURF1* u slovenských pacientov s Leighovým syndrómom a Ing. Ivana Ševčíková (Centrum biovied SAV) ukázala sľubné výsledky popisujúce zostrih exónov pod kontrolou proteínu PUF60. Doc. Andrea Ševčovičová (Univerzita Komenského) predstavila publiku projekt *Genetika na kolesách*, ktorý prostredníctvom viacerých komplementárnych aktivít poskytuje stredoškolským študentom a ich učiteľom na celom Slovensku možnosť vyskúšať si viaceré experimentálne techniky využívané v moderných biomedicínskych laboratóriách. Poslednou prednáškou konferencie bol príspevok držiteľa ceny GSGM dr. Alexandra Sembera (Ústav živočíšnej fyziológie a genetiky AV ČR, Liběchov). Cenu prevzal od dr. Karla Zeleného (riaditeľa firmy MGP) za sériu ôsmich prác venovaných využitiu moderných cytogenetických metód pre analýzu evolúcie genómu (špecificky pohlavných chromozómov) u nižších stavovcov.

V rámci konferencie bolo odprezentovaných 49 posterov a každý z nich bol ukážkou veľmi pekných a inšpiratívnych výsledkov. Hoci bolo možné si ich prezrieť počas všetkých troch dní, oficiálna posterová sekcia a tak aj priama interakcia s autormi príspevkov bola časovo príliš obmedzená, čo nás ako organizátorov veľmi mrzelo. Každopádne, na

základe hlasovania vedúcich sekcií a členov výboru GSGM, boli počas záverečnej sekcie vyhlásené tri najlepšie postery autorov v poradí dr. Silvia Petrezsélyová (Ústav molekulárnej genetiky - BIOCEV, viď zborník str. 77), Kateřina Jůzová (Masarykova Univerzita, str. 65) a Šárka Schořová (Masarykova Univerzita, str. 85).

V úplnom finále prof. Jiří Doškař konferenciu ukončil a vyslovil nádej, že o tri roky sa komunita českých a slovenských genetikov stretne opäť, tentokrát niekde v blízkosti Brna. Medzitým nás čakajú ďalšie aktivity GSGM, napríklad ďalší ročník edukačného workshopu v Mendelovom múzeu na jar 2019.

Ľubomír Tomáška

za všetkých ľudí z Katedry genetiky PriF UK, ktorí mali potešenie konferenciu organizovať a ktorých mám potešenie mať za kolegov a študentov

Z Mendelovy korespondence

Anna Matalová

Centrum Mendelianum, Muzejní 1, 602 00 Brno

"Svá předsevzetí, že během letošního léta prostuduji Hieracia zdejšího kraje na jejich stanovištích, jsem uskutečnil jen ve velmi omezeném rozsahu. Může za to především nedostatek času, také se ale dobře nehodím k botanickým exkurzím, protože mě nebe obdařilo nadváhou, která se při dlouhých pěších partiích, ale zvláště při horském stoupání, v důsledku všeobecné gravitace citelně projevuje."

Takto začíná Mendelův dopis profesorovi Nägelimu datovaný 6. listopadu 1867 a ukazuje Mendelův smysl pro humor, který je patrný i z korespondence se synovcem Aloisem (viz IL 50: 5 – 6, 2017). V navazující odborné části listopadového dopisu se Mendel obsáhle věnuje popisu nově získaných exemplářů, které vzešly z jeho výletů do přírody.

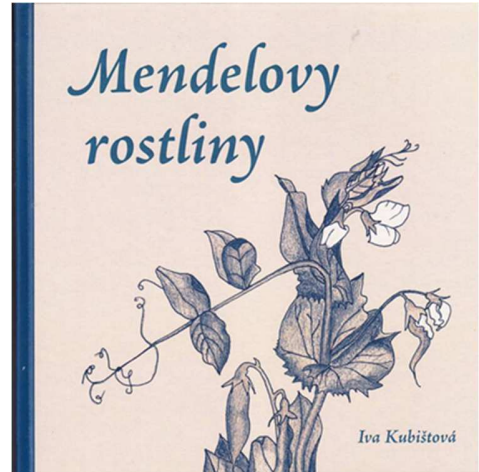
„Když jsem proto nemohl poslat, i když bych tak rád učinil, soubor planě rostoucích Hieracií, dovoluji si předložit k laskavému nahlédnutí alespoň něco ze své plantáže.“

V dopisu seznamuje Mendel profesora Nägeliho také s aktuálními pokusy a zajímavými pozorováními.

„Náhoda tomu chtěla, že jsem v misce na semena zapomněl jednu rostlinu *Verbascum phoenicum* + *V. blattaria*, která zůstala bez veškeré péče po celé léto v rohu zahrady. Na podzim jsem velmi zakrnlou rostlinu objevil a dal jsem ji do země k jejím bujně vyvinutým sourozencům. I když zde v příštím roce velmi zmohutněla, nevykvetla a přezimovala podruhé, zatímco její sourozenci jako dvouleté rostliny po odkvětu odumřeli. V letošním létě zmeškané opět dohonila, protože od června do září bez přerušení kvetla a dala více než 100 dobře vyvinutých semen. Mohla by přezimovat dokonce potřetí, protože po odkvětu vytvořila dokonalou listovou růžici.“

Mendelovo badatelské nadšení vyjadřuje nejlépe téměř poetický závěr dopisu.

"S netrpělivostí očekávám příští léto, protože mi více plodných hybridů předvede poprvé své potomky v květu. Starám se o to, aby se mohli ukázat v hojném počtu, a přejí si jen, aby se touha, se kterou je očekávám, odměnila v četných projevech jejich životních příběhů."



Jestřábník a divizna zmiňované v dopise, jsou dva z mnoha rodů Mendelových rostlin. Kresby Ivy Kubištové pro Mendelianum.



PhDr. Anna Matalová je nyní emeritní pracovnící Mendeliana Moravského zemského muzea v Brně. V Mendelianu působí již od jeho založení, po roce 1989 až do odchodu do důchodu pracovala jako jeho vedoucí. Je autorkou řady odborných publikací, má klíčový podíl na vytvoření Centra Mendelianum a představení Mendelovy osobnosti nejenom ve vědeckém kontextu, ale také v rámci jeho dalších aktivit ve vztahu k městu Brnu a dalším místům.

**Genetika v premenách času:
50 rokov genetiky na Prírodovedeckej fakulte Univerzity P. J. Šafárika v Košiciach**

Eva Čellárová

Katedra genetiky, Ústav biologických a ekologických vied, Prírodovedecká fakulta Univerzity P. J. Šafárika v Košiciach, Mánesova 23, 041 54 Košice, Slovenská republika,

Počiatky genetiky na Prírodovedeckej fakulte UPJŠ v širšom medzinárodnom kontexte

Z dnešného pohľadu nie je jednoduché presne definovať dôvody, ktoré viedli v roku 1968 k založeniu prvej Katedry genetiky na Prírodovedeckej fakulte UPJŠ v Košiciach. V širšom medzinárodnom kontexte a z pohľadu neskoršieho vývoja vedeckej profilácie katedry by sme mohli hľadať korene vo vedeckej škole Thomasa Hunta Morgana (1866 – 1945), zvlášť jeho doktoranda Hermanna Josepha Mullera (1890 – 1967), ktorý sa významne zaslúžil o rozvoj poznania využitím rádioaktívneho žiarenia na indukciu mutácií v živých systémoch, za čo mu rok po Morganovej smrti bola udelená Nobelova cena (1). V laboratóriu T. H. Morgana na Kolumbijskej univerzite stážoval aj český prírodovedec a matematik Artur Brožek (1882 – 1934). Jeho práca s rastlinnými objektmi sa koncentrovala hlavne na cytogenetickú úroveň a objasnenie plastidovej dedičnosti (2). Práce A. Brožeka, z oblasti genetiky a cytológie, ale aj botanika Bohumila Němca (1873 – 1966) výrazne ovplyvnili už počas vysokoškolských štúdií v Prahe genetika Karla Hrubého (1910 – 1962). Napriek nepriazni obdobia 50-tych rokov minulého storočia, keď sa vplyvom lisenkizmu stala genetika zaznávanou disciplínou, spracoval Karel Hrubý monografický prierez vývojom genetiky do konca 50-tych rokov, ktorý predstavoval prvú ucelenú učebnicu genetiky v českom jazyku (2, 3). Karel Hrubý ako profesor na Karlovej univerzite v Prahe výrazne podnietil záujem o genetiku u Roberta Hončariva (1931), ktorý ako študent Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave trávil časť svojho štúdia v Prahe. Po promócií sa presídlil do Košíc, kde začal a postupne budoval svoju profesionálnu kariéru (4). Stalo sa tak ešte pár rokov predtým, ako bola v roku 1959 založená Univerzita P. J. Šafárika v Košiciach. V polovici 50-tych rokov minulého storočia prišlo do Košíc aj niekoľko absolventov Karlovej Univerzity v Prahe, Ivan Šetlík, Jiří Bartoš, Eva Bartošová, Štěpán Kubín, Naďa Avratovščuková, ktorí sa v Botanickej záhrade SAV (teraz UPJŠ) venovali jednak výskumu rias a jednak participovali na výskume účinkov ionizujúceho žiarenia a jeho využitia v šľachtení rastlín. Ich misia v Košiciach trvala len niekoľko rokov. Na konci 50-tych rokov sa vrátili do Čiech, kde pokračovali v profesionálnej dráhe v Mikrobiologickom ústave ČSAV a na Karlovej univerzite. Približne v tom istom čase, v roku 1957, prišiel do Košíc z Biofyzikálneho ústavu ČSAV v Brne Milan Praslička (1923 – 1985), ktorý bol presvedčený o nutnosti a potrebe založenia rádiobiologického pracoviska. Súhra okolností a odborníkov prispela

k tomu, že práve v Košiciach bolo ako prvé v Československu vybudované pracovisko so zdrojmi žiarenia (gama pole, chronický žiarič v Botanickej záhrade SAV) pre výskum biologických účinkov chronického žiarenia na rastliny a živočíchy (5). Už v roku 1959 sa v Košiciach uskutočnil seminár pre šľachtiteľov z Čiech a Slovenska, ktorí referovali o svojich šľachtiteľských skúsenostiach s materiálom ožarovaným v Košiciach. Z tohto obdobia pochádzajú aj prvé práce zo štúdia vplyvu chronického žiarenia na rastliny (*Trifolium pratense*). Tieto aktivity vyústili do prípravy medzinárodného sympózia zameraného na mutačný proces, ktorý organizovali Univerzita P. J. Šafárika v Košiciach a Ústav experimentálnej biológie SAV. Editorom zborníka z tohto podujatia pod názvom „*Mutation in population*“, ktorý vyšiel v roku 1967, bol Robert Hončariv. Robert Hončariv obhájil kandidátsku dizertačnú prácu pod názvom „Genetické účinky chronického žiarenia“ na Biofyzikálnom ústave ČSAV v Brne v roku 1964 a o 3 roky neskôr sa habilitoval na Prírodovedeckej fakulte UPJŠ s prácou „Zmeny kvantitatívnych znakov jačmeňa po chronickom žiarení“.

Prírodovedecká fakulta Univerzity P. J. Šafárika v Košiciach bola založená v roku 1963 a do jej vienka pribudla v tom istom roku Katedra biológie z Lekárskej fakulty UPJŠ, ktorá mohla formovať svoj vedecký profil na báze rozvíjajúcej sa rádiobiológie. Rádiobiologický výskum sa ešte v tom istom roku začal koncentrovať do novovybudovaného Rádiobiologického laboratória s inštalovaným zdrojom kontinuálneho gama žiarenia v areáli na Moyzesovej ulici, čím nahradil pôvodný žiarič v areáli Botanickej záhrady UPJŠ. Výskum a vzdelávanie v oblasti biologických vied sa v prvých piatich rokoch existencie Prírodovedeckej fakulty koncentrovali do Katedry biológie a Rádiobiologického laboratória pod vedením doc. MUDr. Milana Prasličku, CSc. Tento model štruktúry sa v roku 1968 pretavil do Katedry všeobecnej biológie a Katedry botaniky a genetiky (6). Kým výskumný program Katedry všeobecnej biológie bol zameraný na výskum účinkov žiarenia na živočíšne organizmy, na Katedre botaniky a genetiky sídliacej v areáli Botanickej záhrady to boli prevažne rastlinné objekty. Po vzniku prvej katedry sa na Prírodovedeckej fakulte UPJŠ uskutočnilo niekoľko reorganizácií biologických pracovísk, čo do istej miery ovplyvnilo aj zameranie genetického výskumu.

Inštitucionalizácia genetiky v prvých rokoch existencie (1968 – 1972)

Katedra botaniky a genetiky, ktorá vznikla v roku 1968, sa po roku rozdelila na Katedru genetiky a Katedru botaniky. Katedru genetiky viedol doc. RNDr. Robert Hončariv, CSc. Z archívnych zdrojov sa dozvedáme, že v tomto období sa pracovníci Katedry genetiky naďalej podieľali na riešení výskumných úloh zameraných na genetické účinky chronického žiarenia, a to predovšetkým na úrovni chromozómov a bunkového cyklu rastlinných objektov s možnosťami praktického využitia v aplikovanej genetike. Na tejto problematike s využitím cytogeneticky zaujímavého modelového objektu *Vicia faba* pracovali v tomto období RNDr. Margita Rychlová a Ing. Ladislav Kováč, ktorí neskôr obhájili dizertačné práce na Prírodovedeckej fakulte Univerzity Komenského, resp. na Ústave experimentálnej biológie a genetiky ČSAV v Prahe. Docent Hončariv si už ako študent uvedomoval, že modernú biológiu, a zvlášť genetiku, nemožno robiť bez dobrých znalostí matematiky. Toto jeho presvedčenie sa premietlo do snáh o matematické modelovanie genetických procesov. Členovia Katedry genetiky nepracovali len s rastlinnými objektmi. V tomto období sa vybuďovalo aj laboratórium genetiky akvariálnych rýb, kde sa študovali účinky chronického žiarenia na modelových objektoch *Xiphophorus helleri* a *Puntigrus anchisporus*.

Na tomto výskume sa podieľali hlavne RNDr. Anna Seidelová a RNDr. Helmut Seidel, Anna Macková a Ivan Turček. Postupne sa ukončovali experimenty z predchádzajúceho obdobia zamerané na štúdium ascitických nádorov myší.

Vzdelávanie v genetike sa v prvých rokoch existencie katedry poskytovalo prevažne študentom učiteľskej aprobácie biológia-chémia, ktorí v tom čase niekoľkonásobne prevyšovali počet študentov jednodborového štúdia. Vytvorili sa však podmienky pre neskoršie rozšírenie genetického vzdelávania o viaceré subdisciplíny.

Integrácia biologických pracovísk a zmena výskumného zamerania v období 1972 – 1990

Začiatkom sedemdesiatych rokov sa uskutočnila integrácia troch katedier, botaniky, genetiky a ekologickej a systematickej zoológie do Katedry špeciálnej biológie. Zámerom bolo nielen zabezpečiť efektívnejší pedagogický proces, ale tiež prispieť k výraznejšej integrácii výskumu v oblasti genetiky a fyziológie rastlín. Katedru špeciálnej biológie viedol od jej vzniku až do roku 1991 doc. RNDr. Robert Hončariv, CSc., ktorý sa v roku 1981 stal profesorom. Od akademického roka 1984/85 bola jeho zástupkyňou RNDr. Eva Čellárová, CSc. Začiatok tohto obdobia bol vo výskumnej oblasti poznamenaný postupným prechodom od štúdia chronických účinkov žiarenia k výskumu biológie liečivých rastlín, ktorý sa začal pilotným projektom v rámci rezortného plánu výskumu Ministerstva zdravotníctva na roky 1973-1975 a v roku 1975 sa stal výskum liečivých rastlín a prírodných látok pre farmaceutickú výrobu súčasťou štátneho plánu vedeckotechnického rozvoja a neskôr v roku 1980 i štátneho cieľového programu. Popri tomto nosnom smere pokračoval približne do začiatku 80-tych rokov aj genetický výskum akvarijných rýb. Rádiobiologický výskum sa na Katedre špeciálnej biológie ďalej nerealizoval. V tomto období už bolo zrejmé, že genetické účinky ionizujúceho žiarenia na živé organizmy nie sú špecifické a ich využitie v šľachtení je tým značne limitované. Základný výskum liečivých rastlín pre farmaceutickú výrobu sa uskutočňoval v oblasti genetiky a fyziológie a od začiatku mal veľmi silný aplikačný akcent, ktorý vyústil do šľachtenia a registrácie nových odrôd liečivých rastlín, ale i do spoluúčasti na návrhu prototypov technologických zariadení na zber a spracovanie liečivých rastlín. V roku 1980 bolo na Katedre špeciálnej biológie vybudované Laboratórium rastlinnej biotechnológie. Jeho vybudovaním bola poverená RNDr. Eva Čellárová. Predchádzalo mu absolvovanie odborných stáží najprv na Katedre fyziológie rastlín Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave u školiteľa doc. RNDr. Karola Erdelského, CSc. a v roku 1979 na Agrobotanickom ústave v Tápiózszele u dr. Lászlóa Heszkeho. V laboratóriu explantátových kultúr sa postupne zhromažďoval sortiment liečivých rastlín vo forme explantátov a začali sa implementovať nové biotechnologické metódy, ktoré sa rutinne používajú dodnes. Súčasťou biotechnologického laboratória sa onedlho stalo aj kryobiologické laboratórium, ktoré vzniklo vďaka metodickej a prístrojovej pomoci Laboratória nízkych teplôt PF UPJŠ, hlavne RNDr. Alexandra Fehera, CSc. a Norberta Smolku. Kryobiologickej problematike sa v tom čase začala venovať RNDr. Dana Guľašiová, rod. Laurová. Biotechnologické zameranie bolo na tú dobu síce progresívne, ale pokrok v genetike pokračoval vo svete oveľa rýchlejšie. Obmedzené možnosti mobilit a zdrojov informácií neumožňovali držať primerane krok s rozvojom poznania vo svete v čase, keď už boli k dispozícii napr. techniky tvorby rekombinovanej DNA či sekvenovania. V tomto období nám uvedené skutočnosti aspoň do istej miery kompenzovali intenzívne kontakty s pracoviskami v Prahe, Olomouci a Českých Budějoviciach.

V polovici sedemdesiatych rokov, keď počty študentov jednodborového štúdia začínajú prevyšovať počty študentov učiteľského štúdia, sa v rámci jednodborového štúdia všeobecnej biológie otvára zameranie Genetika. V ňom mali študenti možnosť absolvovať okrem základného predmetu Genetika, resp., Všeobecná genetika prvýkrát aj celé spektrum genetických subdisciplín. V prvej polovici sedemdesiatych rokov bola evidentná snaha o využitie vtedy dostupných kybernetických technológií a ich implementácie do vzdelávania. Príkladom je vzdelávací projekt rezortného plánu výskumu „Aplikácia kybernetických metód do vyučovania prírodovedných disciplín na Prírodovedeckej fakulte UPJŠ“, ktorý realizoval doc. Hončariv, ktorý sa okrem toho a v spolupráci s Katedrou výpočtovej techniky PF UPJŠ podieľal na konštrukcii počítača SIMUL na modelovanie niektorých genetických funkcií, ktorý získal významné medzinárodné ocenenia v Kolíne nad Rýnom a v Ženeve. V akademickom roku 1987/88 sa na niekoľko rokov stala súčasťou katedry aj biochemická skupina vedená prof. Ing. Dušanom Podhradským, DrSc.

Genetika na prelome tisícročí (obdobie 1990 – 2002)

V akademickom roku 1990/91 sa pojem genetika opäť dostáva do názvu katedry, keď sa Katedra špeciálnej biológie premenovala na Katedru experimentálnej botaniky a genetiky, ktorú počas dvoch rokov viedol RNDr. Peter Černaj, CSc. Genetiku reprezentovalo Oddelenie genetiky a rastlinnej biotechnológie vedené docentkou Čellárovou. Po predčasnej smrti doktora Černaja prevzala vedenie katedry Ing. Anna Macková, CSc. a od roku 1997 sa vedúcou Katedry experimentálnej botaniky a genetiky stala doc. RNDr. Eva Čellárová, CSc. V roku 2002 došlo k reorganizácii štruktúry pracovísk Prírodovedeckej fakulty, ktorá znamenala vyšší stupeň integrácie pracovísk do ústavov. Katedra genetiky sa stala akademickým pracoviskom Ústavu biologických a ekologických vied a v tejto podobe existuje pod vedením prof. RNDr. Evy Čellárovej, DrSc. dodnes. Dynamika spoločenského pohybu na prelome 80-tych a 90-tych rokov výrazne ovplyvnila život na vysokých školách. Objavili sa nové grantové schémy, otvorili sa nové možnosti medzinárodnej spolupráce, menil sa vzdelávací systém. Po rozdelení Československa v roku 1993 sa popri existujúcich kontaktoch s českými pracoviskami umocňovali kontakty a vzťahy s genetikmi na Prírodovedeckej fakulte Univerzity Komenského, ktoré sa ukázali ako významné jednak z hľadiska neskoršej spolupráce vo výskume, a jednak z hľadiska podpory genetického vzdelávania, predovšetkým doktorandského štúdia.

Na prelome 80-tych a 90-tych rokov v atmosfére dynamických spoločenských zmien sme sa pokúsili hľadať nové výskumné zameranie, ktoré by stávalo na tradíciách výskumu liečivých rastlín, ale súčasne výraznejšie reflektovalo úroveň poznania vo svete a kládlo dôraz viac na fundamentálne, než aplikačné aspekty. Takouto problematikou sa stal z iniciatívy doc. Čellárovej výskum hypericínu a ďalších farmakodynamicky aktívnych sekundárnych metabolitov produkovaných zástupcami rastlinného rodu *Hypericum* podporovaný v uvedenom období grantami domácich, ale aj zahraničných grantových agentúr. Kolektív genetiky a biotechnológie rastlín bol doplnený o mladých absolventov PF UPJŠ a PF UK (Katarína Bruňáková, Patrícia Saxová, rod. Kušniriková, Renáta Brutovská, Eva Vranová, rod. Milčáková, Jana Halušková), ktorí začali získavať prvé medzinárodné skúsenosti na popredných európskych univerzitách v Gente, Nottinghamu, Kodani, Bayreute a iných. Na Prírodovedeckej fakulte UPJŠ v Košiciach však v tom čase nebola možnosť doktorandského štúdia v genetike. Túto situáciu sa podarilo na začiatku premostiť doktorandským štúdiom na Lekárskej fakulte UPJŠ vďaka ústretovému

prístupu prof. RNDr. Ivana Kalinu, DrSc. (1940 – 2014) v odbore Všeobecná biológia, ktoré absolvovali RNDr. Katarína Bruňáková, PhD. a RNDr. Patrícia Saxová, PhD. K snahám o neskoršiu akreditáciu doktorandského štúdia v odbore Genetika významne prispela neoceniteľná ochota a ústretovosť bratislavských kolegov, predovšetkým prof. RNDr. Daniela Vička, DrSc. a doc. RNDr. Vladimíra Feráka, CSc., ktorí umožnili školiť doktorandov v odbore Genetika „pod strechou“ Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského doc. Čellárovej až do jej vymenovania za profesorku v odbore Genetika v roku 2002, čím boli vytvorené predpoklady pre akreditáciu genetického doktorandského študijného programu v Košiciach.

V pregraduálnom vzdelávaní počnúc akademickým rokom 1992/93 mali študenti možnosť výberu zamerania Genetika a fyziológia rastlín ako jednej zo štyroch možností. V rámci tohto zamerania sa prednášalo viacero genetických disciplín ako Cytogenetika a karyológia, Kvantitatívna genetika, Genetika modelových objektov, Genetika šľachtenia rastlín, Základy rastlinnej biotechnológie, neskôr Biotechnológia rastlín, Molekulová biológia rastlín, Populačná genetika.

Genetika na Prírodovedeckej fakulte UPJŠ po roku 2002

Od roku 2002 je Katedra genetiky neoddeliteľnou súčasťou Ústavu biologických a ekologických vied Prírodovedeckej fakulty UPJŠ. Po roku 2010 sa postupne stali členmi katedry RNDr. Katarína Nigutová, PhD., RNDr. Andrea Kimáková, PhD., RNDr. Linda Petijová, PhD., RNDr. Andrea Schreiberová, PhD., a v roku 2018 aj RNDr. Jana Henzelyová, PhD. Kolektív katedry tvorí súčasne aj výskumný tím, ktorý veľmi úzko a na komplementárnej báze spolupracuje s tímom prof. RNDr. Petra Fedoročka, CSc. z Katedry bunkovej biológie ÚBEV PF UPJŠ a s tímom doc. RNDr. Elišky Gálovej, PhD. z Katedry genetiky Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave. Výskumná problematika je pokračovaním pilotného projektu výskumu hypericínu zo začiatku 90-tych rokov minulého storočia a v súčasnosti zahŕňa za účasti všetkých troch tímov komplexné štúdium regulácie biosyntézy hypericínu a jeho prekursorov *in planta* s využitím najnovších sekvenčných, bioinformatických a zobrazovacích prístupov, štúdium potenciálnych genotoxických účinkov týchto metabolitov ako podmienky pre biomedicínske aplikácie a výskum mechanizmov pôsobenia hypericínu a jeho intermediátov na nádorové bunkové línie a kmeňové bunky nádorov. Tím je súčasťou medzinárodného konzorcia genetického a biomedicínskeho výskumu sekundárnych metabolitov produkovaných niektorými zástupcami rodu *Hypericum*, Hypexplor a je etablovaný v medzinárodnej biotechnologickej a kryobiologickej komunite.

Katedra genetiky zabezpečuje garancie magisterského študijného programu Genetika a molekulárna cytológia (predtým v rokoch 2003/04 až 2008/09 Bunková a molekulová biológia a genetika) a doktorandského študijného programu Genetika. Ponuka predmetov pregraduálneho štúdia sa v ostatnom čase obohatila o predmety Funkčná genomika a Bioinformatika v genetike. Uvedený magisterský študijný program sa v súčasnosti teší najväčšiemu záujmu študentov spomedzi všetkých magisterských programov na fakulte.

Viac ako polstoročie genetiky v Košiciach sprevádzali obdobia nadšenia z budovania nového, ale i rozčarovania z neúspechov, či istej schizofrénie pri hľadaní jej smerovania. S úctou a pokorou preto spomíname na našich predchodcov, ktorí dokázali genetiku

obhájiť a rozvíjať aj v časoch, kedy to vôbec nebolo jednoduché a vytvoriť pre nás priestor pre slobodné bádanie.

Podakovanie

Podakovanie za cenné informácie patrí RNDr. Kvetuši Hončarivovej, pracovníkom Štátneho archívu MV SR v Košiciach, Ing. Anne Mackovej, CSc., prof. RNDr. Beňadikovi Šmajdovi, CSc., vedúcemu Katedry fyziológie živočíchov ÚBEV PF UPJŠ a kolektívu Katedry genetiky ÚBEV PF UPJŠ.

Referencie

- (1) MLA style: Hermann J. Muller – Facts. NobelPrize.org. Nobel Media AB 2018. Mon. 12 Nov 2018. <<https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1946/muller/facts/>>
- (2) Karel Hrubý: Genetika. Nakladatelství Československé akademie věd, Praha 1961, 652 str.
- (3) Martin Franc: Portrety z archívu. Akademický bulletin 11, 2012
- (4) Tomáš Lemešani: Košičan Robert Hončariv bol vyhlásený za jedného zo štyroch najvýznamnejších botanikov minulého storočia. Korzár Košice 22.8.2008
- (5) Milan Praslička: Odkaz - od zeme k hviezdám. Výber zo spomienok a diela k nedožitým 75. narodeninám zakladateľa slovenskej rádiobiológie, kozmickej biológie a medicíny. Vydavateľstvo Orient, Košice, 1997
- (6) Kolektív autorov: 35 rokov Prírodovedeckej fakulty UPJŠ v Košiciach. Prírodovedecká fakulta UPJŠ, Košice 1998, 49 str. ISBN:80-967783-1-5
- (7) Dokumenty Štátneho archívu MV SR



Prof. RNDr. Eva Čellárová, DrSc. (e-mail: eva.cellarova@upjs.sk) je vedúcou Katedry genetiky Ústavu biologických a ekologických vied Prírodovedeckej fakulty Univerzity P. J. Šafárika v Košiciach. Zaoberá sa výskumom regulácie biosyntézy bioaktívnych antrachinónov rastlinného pôvodu (rod *Hypericum*) s protinádorovými účinkami. Spolu s prof. Petrom Fedoročkom vedú špičkový tím „Bioaktiv“.

Mendel Day 2019

Eva Matalová

Centrum Mendelianum, Moravské zemské muzeum, Zelný trh 6, 659 37 Brno

V roce 2017 se konal třetí ročník mezinárodního Mendelova dne, kdy bylo epicentrem událostí Brno a doprovodné akce opět probíhaly v dalších městech Evropy, ale také USA, Austrálie i Japonska. Nosným tématem prvního Mendelova dne bylo 150 let od zveřejnění jeho objevitelské práce tiskem v časopise brněnského Přírodovědeckého spolku rozesílaném do celého světa. Druhý ročník Mendelova dne byl ve znamení 200. výročí Moravského zemského muzea, které bylo založeno Mendelovou vědeckou společností (Ackerbaugesellschaft), tehdejší moravskou akademií věd. Tématem třetího ročníku bylo 175 let od příchodu Mendela do Brna.

V roce 2019 bude Mendel Day opět součástí významného výročí, kterým bezesporu je 100 let od založení The Genetics Society. Kromě toho, že se jedná o genetickou společnost, je spojníkem k Mendelovi fakt, že pod založením této společnosti je podepsán William Bateson. Bateson se významnou měrou zasloužil o zviditelnění Mendela a první překlad jeho díla do angličtiny. Neváhal přijet do Brna, aby inicioval záchranu dokumentů, včetně Mendelova rukopisu, které již byly odloženy mezi starými papíry. Podpořil Hugo Iltise k pokračování v této činnosti a založení muzea, které by Mendela připomínalo. Zasloužil se o vybudování mramorového Mendelova pomníku, na jehož zbudování se složili vědci z celého světa, pomníku, který dříve dominoval dnešnímu Mendelovu náměstí (obr. 1).



Obr. 1: Mendelův pomník byl instalován v roce 1910 v centru dnešního Mendelova (tehdejšího Klášterního náměstí). Slavnostní akce se zúčastnili vědci z celého světa, včetně Williama Batesona. Na záchraně pomníku v post/komunistické éře se podílelo také Mendelianum, které zajistilo jeho obnovu a instalaci v klášterní zahradě na Starém Brně.

Genetická společnost je situována ve Velké Británii a jejím cílem je podpora a rozvoj výzkumu, výuky a aplikací v genetice. První setkání této společnosti se uskutečnilo 25. června 1919 v Londýně. Zajímavostí směrem k Mendelovi je skutečnost, že Mendel Londýn navštívil, a to u příležitosti světové výstavy v roce 1862. Aktuálně zahrnuje The Genetics Society přes dva tisíce členů a to především vědce, učitele a studenty. Kromě každoročních setkání organizuje společnost i další akce, uděluje medaile a ocenění přínosů v oblasti genetiky, podporuje účast svých členů na vědeckých setkáních a zprostředkovává odbornou komunikaci. Na příští rok je ke 100. výročí založení The Genetics Society připraven bohatý program, managerkou je Dr. Cristina Fonseca. Mendel Day 2019 je jedním z významných bodů tohoto programu. Na setkání 8. března 2019 v Londýně jste srdečně zváni!

Více na: <http://www.genetics.org.uk/>, www.mendelianum.cz.



Prof. RNDr. Eva Matalová, Ph.D. (e-mail: matalova@iach.cz) je vědeckou pracovnící Ústavu živočišné fyziologie a genetiky Akademie věd ČR, v.v.i., profesorkou na Fakultě veterinárního lékařství VFU Brno a dlouholetou spolupracovnicí Mendeliana MZM Brno, kde je také odbornou garantkou projektů Mendelianum – atraktivní svět genetiky a Mendelova interaktivní škola genetiky.

175 let od příchodu Mendela do Brna

Marcela Kusáková

Knihovna Bedřicha Beneše Buchlovana, Velehradská tř. 714, 686 01 Uherské Hradiště

Mendel se v Brně nenarodil, přesto byl před deseti lety zvolen v anketě brno.idnes.cz za největší osobnost města. Strávil zde totiž téměř 40 let svého života a hlavně přednesl výsledky své vědecké práce, které se staly základem genetiky.

Na podzim letošního roku uplynulo 175 let od doby, kde Mendel do Brna přijel. Stalo se tak po jeho studiích v Olomouci, kde úspěšně ukončil Filosofický ústav, ale v nelehké životní situaci. Finanční strasti, jak píše ve svém životopise, přivedly Mendela na cestu do starobrněnského kláštera, který nabízel zajištění. Bylo mu 21 let. Z Johanna se stal Gregor. Mladý muž, který nepřestával toužit po tom, aby si mohl na své živobytí vydělávat svou prací. Mendel nezůstal uzavřený v prostorech kláštera, v pastorační službě selhal, naplňovala ho ale práce učitele a možnost setkávání s kolegy v rámci aktivit Hospodářské společnosti. Účastnil se jako vystavovatel, ale také hodnotitel řady výstav stromů, ovoce, zeleniny, ale také květin. Problematika šlechtění okrasných rostlin se mu stala inspirací pro jeho světově proslulý výzkum, jak sám Mendel uvádí v publikaci Pokusy s hybridy rostlin. Díky tomu máme Mendela vědce, díky tomu je Brno zváno „kolébkou genetiky“. Nová reálná škola na Jánské se stala centrem, kde se soustředili vzdělanci a učitelé, kteří podleli revoluční náladě roku 1848 a mezi které patřil i Mendel. Tento „svobodomyšlný“ člověk, jak Mendela označil jeho přítel Klácel, podepsal petici augustiniánů požadující více svobod. Pozdější významné funkce, opat, prelát, bankéř, Mendela spoutávaly a snad i zkrátily jeho život. Na jeho konci se Mendel snažil své funkce omezovat, jedné se však nikdy nevzdal, a to členství v Hospodářské společnosti. V těchto místech také začíná Stezka Mendelovým Brnem, kterou Mendelianum nabízí při komentovaných procházkách, ale i formou individuálního putování po stopách JGM. Řada budov, ve kterých Mendel působil, si navíc zachovala svůj původní historický vzhled, takže propojení s minulostí je opravdu autentické a Mendelův odkaz žije i v dnešním Brně.

Mendelianum MZM připomnělo 175. výročí příchodu Mendela do Brna v rámci řady svých akcí, jarního mezinárodního Mendelova dne, letního Mendel Forum 2018, podzimního Týdne vědy a techniky i předvánočního Odpoledne u Mendela. Pro širokou veřejnost připravilo soutěž s kvízovými otázkami, které navazovaly na procházku Mendelovým Brnem. Hlavní cenou byla faksimile původního protokolu ze zasedání výboru Hospodářské společnosti, který Mendel vlastnoručně napsal před 145 lety.



Zahájení jedné z letošních komentovaných procházek Po stopách JGM v Brně organizovaných Mendelianem MZM Brno.



Mgr. Marcela Kusáková (e-mail: Marcela.Kusakova@seznam.cz) působila jako kurátorka v Mendelianu MZM Brno, kde se také věnovala výzkumu v rámci své diplomové práce. V minulosti pracovala v knihovně Univerzity Tomáše Bati ve Zlíně. V současné době působí v knihovně Bedřicha Beneše Buchlovana v Uherském Hradišti.

Využití molekulární cytogenetiky pro analýzu dynamiky genomu a evoluce pohlavních chromozómů u nižších obratlovců

Alexandr Sember

Ústav živočišné fyziologie a genetiky, AV ČR, v.v.i., Rumburská 89, Liběchov, 277 21

Úvod

Molekulární cytogenetika prošla jako vědní obor v posledních dvou dekádách značnou transformací díky pokrokům v mikroskopii, genomice a bioinformatice (např. Symonová R. a Howell W.M. 2018). I přes nepopiratelnou ústřední roli genomických a transkriptomických přístupů v současném molekulárně genetickém výzkumu je možné se dopátrat významných prací, kde právě aplikace cytogenetických metod přinesla klíčové odpovědi na řešené otázky, ať už v oblasti základního nebo aplikovaného výzkumu (Weeks A.R. et al. 2001; Dion-Côté A.-M. et al. 2015; Pasquier L. et al. 2016; Cioffi M.B. et al. 2018; Heng H.H. et al. 2018; Lukhtanov V.A. et al. 2018), případně umožnila odhalit nedostatky předchozích projektů (O'Connor R.E. et al. 2017). Přínos molekulární cytogenetiky je enormní zejména u nemodelových organizmů, u nichž vlastnosti jejich genomů (např. absence členění na AT- vs. GC- bohaté úseky a/nebo vysoký obsah repetitivních sekvencí) komplikují detailnější vhled do mechanismů na pozadí jejich evoluce a zároveň limitují možnosti celogenomového sekvenování (např. Alkan C. et al. 2011; Camacho J.P.M. et al. 2014; Rábová M. et al. 2015; Tomaszkiwicz M. et al. 2017), byť posledně jmenovaná problematika dosahuje neustálých pokroků (např. Barrero B.A. et al. 2017). Zejména ve studiích integrujících výsledky z dalších biologických oborů přispěla molekulární cytogenetika k zodpovězení nejrůznějších evolučně-ekologických a taxonomických otázek (Jaillon O. et al. 2004; Oliveira C. et al. 2009; Mazzuchelli J. et al. 2012; Sotero-Caio C.G. et al. 2015; Fajkus P. et al. 2016; Valente G. et al. 2016; Palacios-Gimenez O.M. et al. 2017; Prizon A.C. et al. 2017; Symonová R. et al. 2017; Soto M.Á. et al. 2018), včetně prací, které jsou podkladem tohoto příspěvku.

Jedinečné rysy genomů paprskoploutvých ryb

Paprskoploutvé ryby (Actinopterygii) zahrnují více než 95 % druhové diverzity všech ryb a s více než 33 000 druhy tvoří zároveň nadpoloviční většinu obratlovců na zemi. Nejdiverzifikovanější linií jsou ryby kostnaté (Teleostei), které zahrnují 99.8 % popsaných druhů (Nelson J.S. et al. 2016; Eschmeyer W.N. et al. 2018). Genomy paprskoploutvých jsou charakteristické značnou flexibilitou a plasticitou (Ravi V. a Venkatesh B. 2008), která se odráží v rozsahu jejich velikostí (0,35 – 9,32 pg/haploidní genom; Arai R. 2011; Gregory T.R. 2018) a v množství a složení repetitivních sekvencí (Valente G. et al. 2016) a je předpokládáným důsledkem vysoké náchylnosti a tolerance paprskoploutvých ryb k hybridizaci a polyploidizaci (Mable B.K. et al. 2011). Vedle celogenomové duplikace, která postihla evoluční větev kostnatých ryb zhruba před 226–316 miliony let (Hurley I.A.

et al. 2007; Glasauer S.M.K. a Neuhauss S.C.F. 2014) a o níž se stále vedou kontroverzní debaty zabývající se jejím možným příspěvkem k impozantní biodiverzitě Teleostei [Glasauer S.M.K. a Neuhauss S.C.F. 2014; Zhan S.H. et al. 2014; Laurent S. et al. 2017), proběhly další polyploidizační události na úrovni nižších taxonomických skupin – typicky např. u Catostomidae, Corydoradinae, Cyprinidae a Salmoniformes (Glasauer S.M.K. a Neuhauss S.C.F. 2014; Zhan S.H. et al. 2014; Laurent S. et al. 2017; Marburger S, et al. 2018).

Z dostupné literatury a z přehledových prací je patrné, že ač se rozsah diploidních počtů chromozómů pohybuje u ryb v širokém rozmezí ($2n = 12-446$) (Arai R. 2011) a přestože v rámci jednoho druhu může být nalezeno více různých karyotypů (viz níže), je zde přibližně polovina skupin, které si udržují $2n$ odpovídající 48 nebo 50 chromozómům a u některých dalších skupin se dokonce nemění ani morfologie chromozómů (Mank J.E. a Avise J.C. 2006; Molina W.F. et al. 2014).

Karyotypová diferenciacce a fenomén unisexuální reprodukce u sekavcovitých ryb (Cobitoidea)

Existují případy, kdy běžný cytogenetický výzkum odhalí fenomén, který zdaleka přesahuje rámec klasické karyologie. V roce 1995 odhalili členové naší laboratoře v potoce Pšovka na Mělnicku diploidně-polyploidní komplex sekavců rodu *Cobitis*, který se v této lokalitě vyznačuje přítomností diploidních samců a triploidních a tetraploidních samic (Ráb P. a Slavík O. 1996). Jelikož se různě ploidní jedinci od sebe nelišili morfologií těla, upozornily na tuto skutečnost až analýzy počtu chromozómů. Následný výzkum ukázal, že se vše-samičí polyploidní populace této ryby rozmnožují unisexuálně, procesem zvaným gynogeneze. Během tohoto způsobu reprodukce samice produkuje diploidní vajíčka, ale na rozdíl od partenogeneze je zde potřeba zprostředkovat jejich kontakt se samčí spermií (od jedince ze sexuálně se množící populace stejného či příbuzného druhu), neboť ta spustí embryonální vývoj vajíčka. Samčí genom se ale až na výjimky (které vedou k navýšení ploidie v další generaci) do potomstva nedostává. Potomstvo je tudíž klonem matky a je tak tvořeno pouze samicemi (přehled viz Lamatsch D.K. a Stöck M. 2009).

Naše laboratoř se dlouhodobě zabývá studiem mechanismů a evolučních aspektů gynogeneze u různých komplexů sekavců rodu *Cobitis*. Genomové složení různých populací se dá identifikovat na základě kombinace molekulárně-biologických metod s cytogenetickými přístupy (alozymová analýza, sekvenování, průtoková cytometrie, komparativní genomová hybridizace – CGH aj.) (Ráb P. et al. 2000; Janko K. et al. 2007; Choleva L. et al. 2008, 2012; Majtánová Z. et al. 2016). Můj výzkum se s ohledem na výše uvedené objevy zaměřil na dvě příbuzné čeledi ve snaze odhalit evoluční dynamiku jejich genomů na cytogenetické úrovni. Mřenky čeledi Nemacheilidae mají rozsáhlou distribuci, s výskytem druhů téměř ve všech vodních systémech Evropy a Asie. Jedná se o druhově nejbohatší čeleď sekavců (kolem 600 recentních druhů), se značnou diverzitou v morfologii těla a ekologických specializacích. Zatímco někteří zástupci byli nalezeni až ve výšce téměř 5200 metrů nad mořem (*Triplophysa stoliczkaya*, Himálaj), což je v rámci ryb rekordní záznam, jedinci jiného druhu (*T. zhaii*) naopak obývají hloubku 50 m pod mořem (Turfanská proláklna, Xinjiang, Čína), tj. jedno z nejhloubějších míst výskytu sladkovodních ryb celkově (přehled viz Kottelat M. 2012). Druhou studovanou skupinou jsou sekavky čeledi Botiidae, které jsou rozšířené ve vodních tocích napříč Asií a větví se na dvě vývojové

linie – diploidní Leptobotiinae a tetraploidní Botiinae. Tato skutečnost naznačuje potenciálně významnou úlohu polyploidie v jejich evoluci, přičemž dosud nebylo zcela objasněno přesné datování, zda-li se jednalo o jednu či více evolučních událostí a zda se zde uplatnil mechanismus autopolyploidie (duplikace téhož genomu) nebo allopolyploidie (navýšení ploidie spojené s mezidruhovou hybridizací) (Šlechtová V. et al. 2006).

Hemiklonální reprodukce u skokanů druhového komplexu *Pelophylax*

Vedle výše zmíněné gynogenese a vedle partenogenese (která se u nižších obratlovců vyskytuje jen u některých plazů; Lamatsch D.K. a Stöck M. 2009) se u nižších obratlovců vyskytuje ještě jiný neobvyklý způsob reprodukce – hybridogenese (Schultz R.J. 1969). Při tomto procesu dochází ke standardnímu páření mezi samcem a samicí, kde obě pohlaví přispívají do potomstva svým genomem. Nicméně zatímco jeden rodičovský genom se předává klonálně (tj. nepoznamenán rekombinací) do dalších generací (hemiklon), druhý je v každé generaci specificky eliminován a musí být znovu nahrazen (přehled viz Lamatsch D.K. a Stöck M. 2009). V rámci našeho modelového komplexu vodních skokanů rodu *Pelophylax* se hybridogeneticky rozmnožuje skokan zelený *P. esculentus*, který je hybridem dvou rodičovských druhů – skokana skřehotavého *P. ridibundus* a krátkonožého *P. lessonae*. Skokan zelený se vyskytuje na lokalitách s jedním či druhým donorovým druhem (který se jinak množí sexuálně) a tvoří s nimi opět (podobně jako u gynogenetických sekavců) tzv. komplexy. Genom donorového druhu je v každé generaci dodáván *de novo* (Heppich S. et al. 1982). Hybridogeneticky se u *P. esculentus* mohou množit samice (většinou) nebo samci (vzácně) a jejich genom může být v některých populacích i triploidní (tj. když nedošlo k eliminaci genomu donorového druhu) (např. Dedukh D. et al. 2015 a práce zde uvedené). Přítomnost plodných hybridních samců je zároveň raritou, neboť ti bývají většinou neplodní. Na světě se vyskytuje pouze několik dalších unisexuálně se množících druhů obratlovců, které plodnými samci disponují a jedná se výhradně o rybí zástupce – australské hlavačkovité ryby rodu *Hypseleotris* (Schmidt D.J. et al. 2011), ibérie oukležovitá *Squalius alburnoides* (Alves M.J. et al. 2001) a piskoř dálnovýchodní *Misgurnus anguillicaudatus* (Fujimoto T. et al. 2008). V rámci našeho výzkumu vodních skokanů jsme se zaměřili na populaci samců *P. esculentus* z horního toku řeky Odry, kde se vyskytují v komplexu se sexuálně se množícím druhem *P. ridibundus* a výsledkem jejich páření je vše-samčí potomstvo. Samec klonálně předává ve svých spermiích do dalších generací pouze genom *P. lessonae*, který se ve vajíčku spojí s genomem samice druhu *P. ridibundus*. Spermie hybridního jedince *P. esculentus* zpravidla neobsahují genom *P. ridibundus*, neboť ten je v zárodečné linii cíleně eliminován (Heppich S. et al. 1982; Choleva L. 2004). O mechanismu a načasování tohoto procesu se ví jen málo. Dosud se soudilo, že genom donorového druhu je eliminován ze zárodečné linie premeioticky, zatímco klonální genom podstoupí reduplikaci a až následně buňky vstupují do meiózy (Heppich S. et al. 1982; Tunner a Heppich 1982; Tunner a Heppich-Tunner 1991). Za účelem přinést nový vhled do této problematiky jsme použili (již výše zmiňovanou) metodu CGH, která nám umožnila v mitotické metafázi a v různých fázích prvního meiotického dělení rozpoznat, které chromozomy patří genomu *P. ridibundus* a které *P. lessonae* a zda jsou v dané fázi zastoupeny oba genomy nebo pouze jeden z nich. Principem metody CGH je hybridizace (a vzájemná kompetice) dvou různě značených celogenomových sond aplikovaných na stejný preparát, kde je následně možné zejména na základě výskytu různých genomově specifických repetitivních sekvencí identifikovat (v rámci určitého rozsahu evolučních vzdáleností) rozdíly mezi dvěma

genomy. Na podobném principu funguje i jednodušší varianta, genomová *in situ* hybridizace (GISH) (Kato A. et al. 2005; Marková M. a Vyskot B. 2009). Obě metody jsou vhodné pro mapování genomové kompozice mezidruhových homoploidních nebo polyploidních hybridů (např. Bi K. a Bogart J.P. 2006; Knytl M. et al. 2013; Pereira C.S.A. et al. 2014; Majtánová Z. et al. 2016), pro porovnávání divergence repetitivních oblastí genomu mezi (blízce) příbuznými druhy (např. Valente T.G. et al. 2009; Majka J. et al. 2016) a našly své uplatnění i při studiu molekulárního složení pohlavních chromozómů (Traut W, et al. 1999; Traut W. a Winking H. 2001; Altmanová M. et al. 2016; Montiel E.E. et al. 2017; Zrzavá et al. 2018), při analýze původu B chromozómů (Fantinatti B.E.A. et al. 2011) a při studiu eliminace genomu (např. Sakai C. et al. 2007).

Dynamika evoluce pohlavních chromozómů nižších obratlovců

Vedle případů asexuální/unisexuální reprodukce je u nižších obratlovců dokumentována značná diverzita strategií pohlavní diferenciacce (zahrnující gonochorizmus i různé formy hermafroditizmu) a mechanismů determinace pohlaví, které zahrnují environmentální i genetické určení pohlaví a v rámci poslední skupiny pak systémy polygenní i systémy s pohlavními chromozómy (Devlin R.H. a Nagahama Y. 2002; Herpin A. a Schartl M. 2015; Schartl M. et al. 2016; Guiguen Y. et al. 2018). Zároveň se nezdá, že by se odehrávaly různé přechody mezi jednotlivými výše zmíněnými mechanismy. Když se zaměříme konkrétně na ryby, dosud jen u 5 % cytogeneticky studovaných druhů byly odhaleny pohlavní chromozómy (Arai R. 2011), ale i tak malé procento v sobě skrývá celkem devět různých systémů ($\text{♀XX}/\text{♂XY}$; $\text{♀XX}/\text{♂X0}$; $\text{♀X}_1\text{X}_1\text{X}_2\text{X}_2/\text{♂X}_1\text{X}_2\text{Y}$; $\text{♀XX}/\text{♂XY}_1\text{Y}_2$; $\text{♀X}_1\text{X}_1\text{X}_2\text{X}_2/\text{♂X}_1\text{Y}_1\text{X}_2\text{Y}_2$; $\text{♂ZZ}/\text{♀ZW}$; $\text{♂ZZ}/\text{♀Z0}$; $\text{♂ZZ}/\text{♀ZW}_1\text{W}_2$, $\text{♂Z}_1\text{Z}_1\text{Z}_2\text{Z}_2/\text{♀Z}_1\text{W}_1\text{Z}_2\text{W}_2$) (např. de Oliveira R.R. et al. 2008; Kitano J. a Peichel C.L. 2012; Ferreira M. et al. 2016; Araya-Jaime C. et al. 2017). Až na pár výjimek jako jsou například zástupci Neotropických trnoříchých ryb (Characiformes) rodů *Characidium*, *Parodon*, *Megaleporinus* a *Triporthus* (např. Artoni R.F. et al. 2001; Vicente V.E. et al. 2003; Machado T.C. et al. 2011; Parise-Maltempi P.P. et al. 2013; de Barros L.C. et al. 2018) se pohlavní chromozómy vyvinuly nezávisle v různých liniích a často vykazují nepravidelnou distribuci u blízce příbuzných druhů (Mank J.E. et al. 2006). Různé systémy pohlavních chromozómů v různých fázích diferenciacce (nebo shodný systém vzniklý konvergentně z jiného páru autozómů) mohou být nalezeny u blízce příbuzných druhů, a dokonce i v rámci různých populací téhož druhu (např. Colihueque N. et al. 2001; Takehana Y. et al. 2007; de Oliveira R.R. et al. 2008; Henning F. et al. 2008; Mank J.E. a Avise J.C. 2009; Kitano J. et al. 2009; Herpin A. a Schartl M. 2015; Schartl M. et al. 2016; Guiguen Y. et al. 2018). Takové nálezy dokazují značnou evoluční plasticitu rybích pohlavních chromozómů, náchylných k častému přechodu mezi jednotlivými systémy (Mank J.E. et al. 2006; Mank J.E. a Avise J.C. 2009) – jevu, který je pozorován také u obojživelníků a plazů (Pennell M.W. et al. 2015; Schartl M. et al. 2016; Miura I. 2018). U všech zmiňovaných skupin může být náchylnost k tomuto procesu spjata s tzv. homomorfním charakterem gonozómů, tzn., že chromozómy X a Y nebo Z a W mají natolik shodnou morfologii, že je v řadě případů není možné od sebe cytologicky odlišit konvenčními metodami. Třebaže z hlediska sekvence DNA se již o homomorfní chromozómy jednat nemusí, nepárový pohlavní chromozóm dosud nepodlehly výrazné degeneraci, která by mohla limitovat možnosti přechodu na jiný pohlavní systém (Mank J.E. a Avise J.C. 2009; Gamble T. 2016; Schartl M. et al. 2016). S homomorfním charakterem gonozómů dále souvisí i) vysoká pravděpodobnost, že výše uvedené procento ryb s pohlavními chromozómy představuje

výrazné podhodnocení reality a ii) relativní evoluční mládí pohlavních chromozómů kostnatých ryb, což z nich zároveň dělá vhodnou modelovou skupinou pro studium časných fází diferenciacie těchto specializovaných oblastí genomu (Nanda I, et al. 2014; Reichwald K. et al. 2015; Gamble T. 2016; Schartl M. et al. 2016; Guiguen Y. et al. 2018). Navíc se v poslední době ukazuje (u ryb i jiných organizmů), že přítomnost raných fází vývoje pohlavních chromozómů a rovněž samotný mechanismus přechodu mezi různými systémy mohou mít kauzální souvislost s ekologickou adaptací, speciací nebo genomovým konfliktem (Qvarnström A. a Bailey R.I. 2009; Kitano J. et al. 2009; Yasukochi Y. et al. 2011; Nguyen P. et al. 2013; Smith D.A.S. et al. 2016; Bracewell R.R. et al. 2017).

Druhové komplexy Neotropické sladkovodní ichtyofauny

S výše uvedenou dynamikou pohlavních chromozómů bývá u ryb někdy asociována i problematika druhových komplexů, která je obzvláště rozšířená v Jižní Americe. Spolu s ekologickou rozmanitostí se zde nepochybně projevila bohatá geologická minulost tohoto kontinentu, která měla zásadní vliv na členitost a fragmentaci vodních ekosystémů a činí z Neotropické oblasti druhově nejbohatší sladkovodní ichtyofaunu na zemi (přibližně 5 200 druhů ze 17 rybích řádů, tj. cca 40% všech sladkovodních ryb a cca 16% ryb celkově; Albert J.S. a Reis R.E. 2011; Nelson J.S. et al. 2016; Reis R.E. 2016). Přitom nemalý počet zejména recentních studií naznačuje diverzitu ještě mnohem vyšší, neboť pod jedním druhem bývá nezdědkou skryto několik druhů kryptických, které nelze často rozlišit morfologicky (Pereira L.H. et al. 2013; Ramirez J.L. et al. 2017). Tvoří tedy tzv. druhové komplexy (v jiném smyslu, než je používáno výše pro unisexuální taxony), které byly nalezeny např. u polozubky *Apareiodon affinis*, paúhořovce *Gymnotus carapo*, různých sesterských druhů tetry rodu *Astyanax*, piraně *Serrasalmus rhombeus*, krunýřovce *Ancistrus cirrhosus* nebo širokohlavce *Bunocephalus coracoideus* (Pereira L.H. et al. 2013; Ferreira M. et al. 2016, 2017; Prizon A.C., et al. 2017; Cioffi MB et al. 2018). Zvláštní pozornost zasluhuje čeleď trahirovitých (Characiformes: Erythrinidae), která sice zahrnuje pouhé tři rody a 19 dosud známých druhů (Eschmeyer W.N. et al. 2018), ale celá řada studií naznačuje přítomnost hned několika druhových komplexů (přehled viz Cioffi M.B. et al. 2012). Nejvíce zajímavá situace je u nejrozšířenějších druhů, tj. u trahira červeného *Erythrinus erythrinus* a trahira malabarského *Hoplias malabaricus*. Tyto druhové komplexy na rozdíl od nedávno revidovaného komplexu *Hoplias lacerdae* disponují značnou karyotypovou variabilitou, s jasně definovanými mezipopulačními rozdíly (Bertollo L.A.C. et al. 2000; Cioffi M.B. et al. 2012).

Druhový komplex trahira malabarského (*Hoplias malabaricus*)

Cytogeneticky nejstudovanějším druhovým komplexem a jedním z nejstudovanějších ryb obecně je *H. malabaricus*, nejrozšířenější trahirovitá ryba v Jižní Americe, vyskytující se od pacifického pobřeží Kostariky, napříč Brazílií až po Argentinu, Uruquay a Surinam (Bertollo L.A.C. et al. 2000). Jedná se o nočního dravce s adaptací na život v malých fragmentovaných populacích. Je to usedlý, málo pohyblivý druh, s limitovanými možnostmi pro migraci a pro rozšiřování svého areálu. Snadno se ovšem adaptuje na různé často i nehostinné podmínky, což mu v období dešťů pomáhá pasivně se šířit přes dočasné vodní plochy (např. Rios F.S. et al. 2002). Život v izolovaných populacích s absencí genového toku má u této ryby nepochybně vliv na zvýšenou možnost fixace náhodných chromozómových změn (viz Charlesworth B. a Wall J.D. 1999). Aktuálně je u trahira *H. malabaricus* známo sedm karyotypových forem neboli karyomorf (A-G), které lze i přes

nepatrné rozdíly v morfologii těla identifikovat na základě počtu chromozómů, odlišné struktury karyotypů a přítomnosti či absenci pohlavních chromozómů. Molekulární, biogeografické, fylogeografické i cytogenetické studie shodně ukázaly, že mezi karyomorfy nedochází ke genovému toku, neboť nebyly nalezeny až na jedinou recentní výjimku (Utsunomia R. et al. 2014) žádné hybridní formy. Takový stav naznačuje pokročilou fázi reprodukční izolace mezi jedinci s různým karyotypem (Marques D. et al. 2013 a práce zde uvedené). Současné studie založené na metodě DNA barcoding výrazně podporují teorii o samostatných druzích v rámci komplexu *H. malabaricus*, a dokonce je zde náznak ještě složitější evoluční dynamiky, než jakou naznačují karyotypy (Cardoso Y.P. et al. 2018; Jacobina U.P. et al. 2018). Samostatnou kapitolou jsou pak pohlavní chromozómy u této ryby. Zatímco karyomorfy B, C a F mají vznikající nebo již diferencované gonozómy XY, u karyomorf D a G byly nalezeny neopohlavní systémy (X_1X_2Y a XY_1Y_2). I přes značný dosavadní pokrok v poznání mechanismů vzniku a míry homologie mezi zmíněnými systémy pohlavních chromozómů (Cioffi M.B. et al. 2011a,b; Cioffi M.B. et al. 2013) řada otázek zůstala nezodpovězena. V rámci mezinárodní spolupráce jsme recentně aplikovali celochromozómové malovací sondy (WCP; whole chromosome painting) a komparativní genomovou hybridizaci u zástupců karyomorf A-D, F a G, abychom odhalili přítomnost a molekulární složení pohlavně-specifických segmentů u heterogametického pohlaví a testovali vzájemnou homologii pohlavních chromozómů napříč karyomorfy a u blízké příbuzných druhů trahirů.

Sdílený systém pohlavních chromozómů ZZ/ZW u sesterských druhů tetry rodu *Triportheus*

Podobně jako trahirové, také tetry rodu *Triportheus* vykazují širokou geografickou distribuci napříč jihoamerickým kontinentem (Mariguela T.C. et al. 2016). Liší se však od nich velmi výrazně stupněm diferenciací pohlavních chromozómů. Všechny dosud studované druhy této monofyletické skupiny (11/19) mají shodný karyotyp ($2n = 52$) i systém pohlavních chromozómů ♂ZZ/♀ZW (Artoni R.F. et al. 2001; Yano C.F. et al. 2016). Jedná se tak v rámci ryb o zcela unikátní případ. W chromozóm se mezidruhově liší velikostí i obsahem heterochromatinu, nicméně je vždy menší než Z. Předmětem současné studie bylo za použití fluorescenční hybridizace *in situ* (FISH) s repetitivní DNA, WCP a CGH analyzovat míru diferenciací a mezidruhově homologie pohlavních chromozómů ZW u sesterských druhů tohoto taxonu a korelace výsledků s recentně publikovanými fylogenetickými vztahy (Malabarba M.C.S.L. 2004).

Cíle práce

Hlavním cílem tohoto souboru prací bylo studovat evoluční dynamiku genomu včetně konkrétních evolučních procesů a fenoménů u kostnatých ryb a u vodních skokanů rodu *Pelophylax*, kde je možné zodpovědět nastolené otázky pomocí analýz chromozómových a subchromozómových změn, pomocí metod molekulární cytogenetiky a s přispěním metod dalších biologických disciplín.

Specifické cíle práce byly následující:

- 1) Ověřit potenciál karyotypových změn jako evoluční síly v pozadí enormní systematické a odtud taxonomické a ekologické diverzifikace mřenek čeledi Nema-cheilidae (Teleostei: Cobitoidea). (Sember A. et al. 2015)
- 2) Studovat dynamiku repetitivních sekvencí u diploidních i tetraploidních sekavek čeledi Botiidae (Teleostei: Cobitoidea) a analyzovat původ endemické sekavky '*Botia zebra*' (Teleostei: Cobitoidea), potenciálního hybridu druhů *Leptobotia guilinensis* (2n) a *S. pulchra* (4n) (Bohlen J. et al. 2016; Sember A. et al. 2018b)
- 3) Popsat možnosti využití metod GISH a CGH v cytogenetické analýze ryb a optimalizovat jejich protokol pro analýzu vybraných skupin paprskoploutvých ryb (Symonová R. et al. 2015)
- 4) Využít metodu CGH pro studium mechanismu eliminace genomu ve spermatogenezi u hybridogeneticky se množícího skokana zeleného *P. esculentus* (Doležálová M. et al. 2016)
- 5) Odhalit přítomnost a molekulární složení pohlavně specifických segmentů u heterogametického pohlaví trahira *H. malabaricus* (metodou CGH) a testovat vzájemnou homologii pohlavních chromozómů napříč karyomorfy tohoto druhového komplexu i u blízce příbuzných druhů (metodou WCP). Zároveň analyzovat míru divergence mezi karyomorfy na úrovni distribuce repetitivních sekvencí (Cioffi M.B. et al. 2017; de Oliveira E.A. et al. 2018, Sember A. et al. 2018a)
- 6) Analyzovat míru diferenciací ortologních pohlavních chromozómů u sesterských druhů tetry rodu *Triportheus* (Yano C.F. et al. 2017a; Cioffi M.B. et al. 2017)

Materiál a metodika

Ryby a žáby: Ryby byly zakoupeny od zahraničních a tuzemských soukromých chovatelů, chovatelů akvarijních ryb, z rybích farem anebo byly uloveny na konkrétních lokalitách na základě patřičných povolení. Poslední varianta se týká i skokanů rodu *Pelophylax*.

Příprava chromozómových preparátů: Chromozómové suspenze byly připraveny z plouťví, ledvin, gonád nebo kostní dřeně a z kultivace krve (lymfocytů). Ve většině případů byl použit kolchicin pro zvýšení mitotického indexu; dále 0.075M KCl jako hypotonický roztok, methanol-octová fixáž (3:1 v/v) a výsledné chromozómové preparáty byly barveny 5% roztokem Giemsey ve fosfátovém pufru (pH 6.8). Vhodná skla byla odbarvena a dále odvodněna vzestupnou ethanolovou řadou (70, 80 a 96%) pro použití dalších cytogenetických technik.

Konvenční cytogenetika: C-pruhování za použití hydroxidu barnatého, fluorescenční pruhování za použití Chromomycinu A₃ a DAPI (4',6-diamidino-2-phenolindol), detekce nukleolárních organizátorů (NOR) pomocí dusičnanu stříbrného.

Izolace DNA: Pro izolaci DNA byla využita svalová tkáň, krev, játra nebo ocasní ploutev. Zejména pro účely CGH byla použita standardní fenol/chloroform/isoamylalkoholová metoda s využitím zkumavek PhaseLock (5PRIME) pro snazší separaci proteinové vrstvy; v malém procentu případů byl využit Qiagen DNAeasy Blood & Tissue Kit.

Příprava sond na FISH: sondy pro 5S a 28S rDNA (tandemově uspořádané klastry genů kódující ribozomální RNA), 5SHindIII satelitní DNA a pro U2 snDNA (tandemové repetice genu pro U2 snRNA) byly generovány pomocí PCR s primery popsanými v předchozích cytogenetických studiích (viz příslušné publikace). Požadované fragmenty byly klonovány (pDrive vektor, Qiagen) a použity k transformaci kompetentních buněk (QIAGEN EZ Competent Cells). Pozitivní kolonie byly vybrány na základě modro-bílé selekce a plazmidy byly následně z buněk izolovány (QIAprep Spin Miniprep Kit) – vše podle návodu výrobce. Zaklonované fragmenty byly sekvenovány (ABI Prism 3130; Applied Biosystems) a identita výsledných editovaných sekvencí byla ověřena pomocí BLAST/N analýzy. Pouze fragmenty s ověřenou identitou byly značeny nick translací (Abbott Molecular) nebo pomocí sekundární PCR, v obou případech nepřímo, tj. pomocí haptenu (biotin-16-dUTP a digoxigenin-11-dUTP; Roche) a použity jako sondy na jednobarevnou nebo dvoubarevnou FISH. Sondy pro různé motivy mikrosatelitů byly připraveny a značeny komerčně (přímé značení na 5' konci pomocí Cy3) (Sigma). Telomerická sonda byla vyrobena netemplátovou PCR pomocí primerů (TTAGGG)₅ a (CCCTAA)₅ a následný produkt byl značen nick translací. Hybridizační směs na jeden preparát obvykle obsahovala 100-200 ng každé sondy a 25 µg sonikované DNA z lososích spermií, vše rozpuštěné v hybridizačním mixu o různém složení, obsahujícím však vždy 50% formamid a 10% dextran sulfát.

FISH: Preparáty odvodněné ethanolovou řadou byly inkubovány při zvýšené teplotě (37°C, 90 min a 60 °C, 60 min) a po následném postupném opůsobení RNázou A a pepsinem byly denaturovány v 70-75% formamidu/2x SSC po dobu 3 min. Sonda v hybridizační směsi byla denaturována 6 min při 86 °C. Hybridizace probíhala přes noc (37 °C, vlhká komůrka). Stringenční mytí zahrnovalo 50% formamid/2x SSC a 1x SSC. Nepřímo značené sondy byly detekovány pomocí Avidin-FITC (Sigma), Streptavidin-Cy3, Streptavidin-FITC (Invitrogen), Anti-DIG-Rhodamin nebo Anti-DIG-FITC (Roche). Chromozómy byly podbarveny pomocí DAPI v médiu obsahujícím antifade proti rychlému zhasnutí fluorescencí (Cambio nebo Vector).

TSA-FISH a PNA-FISH pro detekci telomerických sekvencí: Sonda připravená netemplátovou PCR byla použita buď na standardní FISH nebo byla detekována pomocí tyramidové amplifikace signálu (TSA) podle návodu výrobce (Invitrogen). V jiných případech byla použita komerčně vyrobená PNA (peptide nucleic acid) sonda a celý protokol FISH byl proveden dle návodu výrobce (Dako).

CGH: Hybridizační směs na každý preparát obsahovala 500-1000 ng každé z porovnávaných sond (tj. např. 500 ng samčí a 500 ng samičí značené celogenomové DNA) a 25-50 µg sonikované DNA z lososích spermií, mající funkci nespecifické blokující DNA. Nadbytek specifické kompetitivní DNA (připravené z jedince toho druhu a pohlaví, kterému patří chromozómy na analyzovaném preparátu) pro vyblokování společných vysoce repetitivních sekvencí byl používán v poměru 15:1–50:1 ku sondě. Kompetitivní DNA byla připravena buď sonikací genomové DNA (ultrazvukový homogenizátor Sonopuls HD 2070, Bandelin Electric), amplifikací genomové DNA pomocí Illustra GenomiPhi V2 DNA Amplification Kit (GE Healthcare) a sonikací produktu, nebo byla připravena C_{ot}-1 DNA (tj. frakce genomu zahrnující vysoce a středně repetitivní sekvence) pomocí specifického protokolu (Zwick M.S. et al. 1997) Hybridizační protokol se od výše uvedeného lišil zejména dobou hybridizace (60-72 h).

WCP: 15 kopií každého z vybraných pohlavních chromozómů trahira *H. malabaricus* (Y chromozóm karyomorfy F = HMF-Y; X chromozóm karyomorfy G = HMG-X; Y₁ chromozóm karyomorfy G = HMG-Y₁) bylo separováno pomocí skleněné jehly připevněné na mechanický manipulátor, pod invertovaným mikroskopem (Zeiss Axiovert 135, Jena, Německo, labortoř profesora Thomase Liehra). Získaný chromozómový materiál byl amplifikován ve dvou následných PCR reakcích s degenerovanými oligonukleotidy (DOP PCR). Při druhé reakci byly fragmenty značeny pomocí Spectrum Orange-dUTP a/nebo Spectrum Green-dUTP (Vysis). Finální hybridizační mix obsahoval 60 µg blokující C₀t-1 DNA (připravené napůl z druhu, jehož chromozóm je mapován a napůl z druhu, jehož chromozómy jsou analyzovány na preparátu). V případě sondy HMF-Y bylo nutné použít velmi šetrnou variantu C-pruhování, aby byl daný chromozóm rozeznatelný od chromozómu X. Experimenty zahrnovaly také hybridizaci malovacích sond dalších pohlavních chromozómů karyomorf *H. malabaricus*, připravených během dřívějších studií (Cioffi M.B. et al. 2011c; Cioffi M.B. et al. 2013). Stejný postup byl použit pro přípravu malovacích sond odvozených od Z a W chromozómů tetry zlatolesklé *Triportheus auritus*. Hybridizační protokol se od výše uvedeného lišil zejména dobou hybridizace (1 den při vnitrodruhové hybridizaci, 3-7 dní při mezidruhové hybridizaci).

Mikroskopie: světelná a fluorescenční (Olympus BX50, Provis AX70 Olympus). Mikroskopy byly vybaveny příslušnou sadou barevných filtrů pro snímání DAPI a fluorescenčních signálů. Výsledné obrázky byly komponovány a upravovány v programech IKAROS (Metasystems), Adobe Photoshop CS6, MicroImage (Olympus) nebo Image Pro Plus (Media Cybernetics).

Molekulárně-fylogenetické analýzy: Fylogenetické stormy byly vytvořeny na podkladě Bayesiánské analýzy jednoho mitochondriálního (cytochrom *b*) a dvou jaderných (*RAG1*, *IRBP*) genů.

Výsledky a diskuze

Převažující uniformita 2n vs. variabilita na sub-chromozómové úrovni u mřenek čeledi *Nemacheilidae*

Ve studii Sember et al. (2015) jsme analyzovali 19 druhů mřenek reprezentujících všechny hlavní evoluční linie této skupiny a zahrnující jak druhy hojně rozšířené, tak i endemitní. Jednalo se o první aplikaci molekulárně-cytogenetických technik u této diverzifikované čeledi. Výsledky hybridizačních experimentů byly mapovány na fylogenetický strom odvozený z molekulárně-fylogenetické analýzy. Studie odhalila, že většina druhů si udržuje evolučně konzervativní 2n = 50, ale liší se poměrem jedno- a dvouramenných chromozómů (pravděpodobný důsledek pericentrických inverzí, adice heterochromatinu, případně centromerického posunu). U druhů *Nemachilichthys ruppeli* (2n = 38) a *Schistura notostigma* (dvě karyotypové formy; 2n = 44 nebo 48) naopak sehrály důležitou roli v karyotypové diferenciaci Robertsonovy (Rb) translokace, které v prvním případě zachovaly vnitřní telomerické sekvence (ITS, interstitial telomeric sites), zatímco ve druhém případě došlo k jejich erozi, naznačující odlišný mechanismus přestavby (viz Slijepčević P. 1998). Pozoruhodný je ojedinělý nález neopohlavního systému XY₁Y₂ u druhu *Schistura fasciolata*, který odpovídá pozorované náhodné distribuci gonozómů bez

zjevné korelace s fylogenetickými vztahy kostnatých ryb (Mank J.E. et al. 2006). V rámci sekavcovitých ryb lze nalézt pouhé tři další druhy s odhalenými pohlavními chromozómy (Devlin R.H. a Nagahama Y. 2002; Arai R. 2011). Ani většina dalších cytogenetických charakteristik nekorespondovala s příbuzenskými vztahy studovaných druhů ve fylogenetickém stromu, což ukazuje, že v různých liniích Nemacheilidae se odehrála řada paralelních konvergentních procesů karyotypové diferenciaci. FISH ukázala u většiny druhů konzervativní jeden pár 45S rDNA (pozorovaný u většiny dosud studovaných kostnatých ryb; Sochorová J. et al. 2018) a značně variabilní počet lokusů pro 5S rDNA (2-20). Případy zmnožených lokusů rDNA, jejich občasná syntenie nebo přímá ko-lokalizace, intraspecifické polymorfizmy ve struktuře a v počtu těchto lokusů a k tomu variabilita na úrovni distribuce a kompozice heterochromatinových bloků poukazují na značnou variabilitu pozorovatelnou na sub-chromozómové úrovni u této skupiny ryb. Tato dynamika zůstávala dosud skryta při aplikaci konvenční cytogenetiky. Pozorované jevy mohou mít vztah k evolučním procesům spjatých s radiací, endemismem a s kolonizací široké škály habitatů u této skupiny. Nejvyššími počty lokusů 5S rDNA disponovali většinou fylogeneticky nejodvozenější zástupci a druhy s malou velikostí efektivní populace (často zároveň patřící mezi endemity).

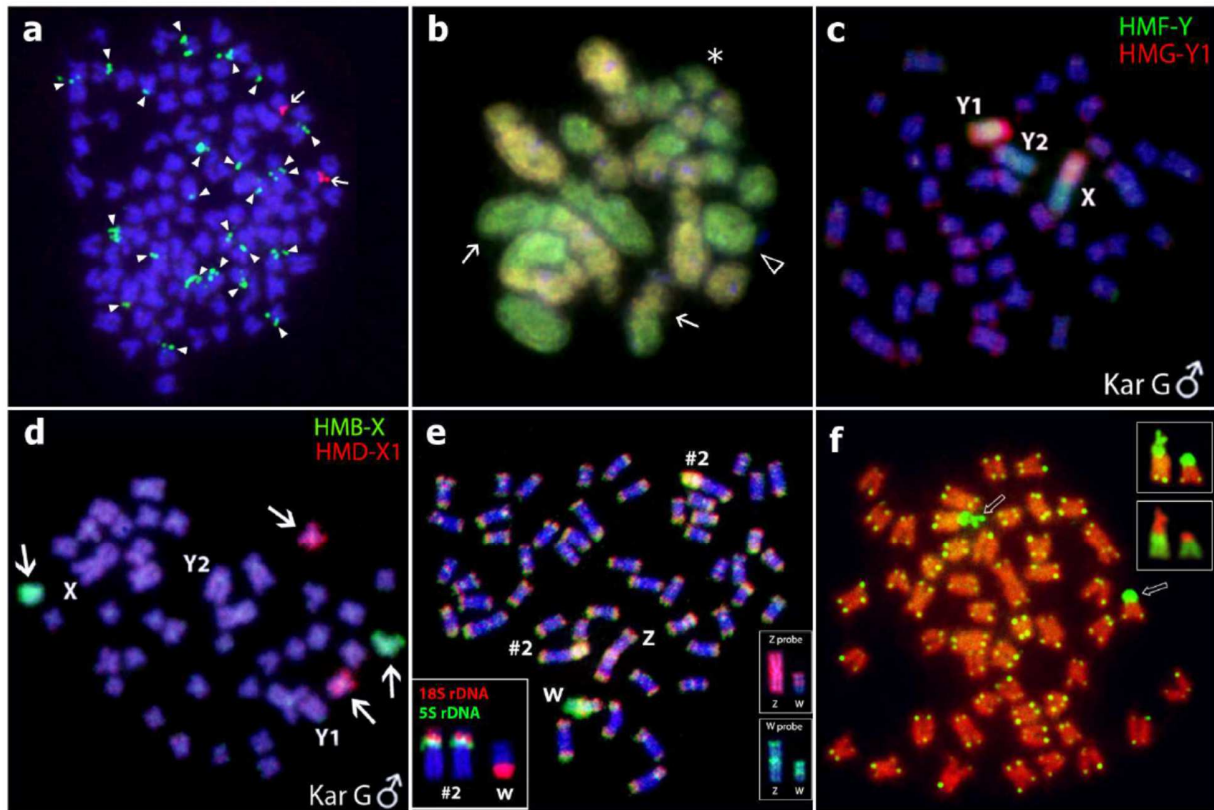
Klastry rDNA jsou zdaleka nejrozšířenějším cytogenetickým markerem aplikovaným u nemodelových organismů. Navzdory údajům v první verzi rDNA databáze živočichů (Sochorová J. et al. 2018), mapování 5S a/nebo 45S rDNA u ryb bylo dosud uskutečněno v minimálně šesti publikovaných studiích (A. Sember, kvalifikovaný odhad ke dni 29.12.2018). Při tomto počtu se již stačilo potvrdit podezření, že ani 5S, ani 45S rDNA nemusí vždy adekvátně posloužit jako cytotaxonomický marker pro rozlišení druhů, jak se dříve myslelo (Amemiya C.T. a Gold J.R. 1988). Naopak jsou s přibývajícím studii odhalovány značné mezipopulační rozdíly a polymorfizmy různého typu v rámci druhu (např. Castro J. et al. 2001; Bueno V. et al. 2014; Traldi J.B. et al. 2016). I přes celou řadu studií, kde změna počtu a polohy rDNA klastru poukázala na povahu chromozómové přestavby (např. Porto-Foresti F. et al. 2004; Fernandes C.A. et al. 2017), případně pomohla objasnit mechanismus vzniku pohlavních chromozómů (např. Cioffi M.B. et al. 2011a), je zřejmé, že se dynamika této multigenové rodiny často pojí s transpozicí a s ektopickou (= nealelickou/heterologní) rekombinací. U mřenky *Schistura pridii* (18 signálů 5S rDNA) jsme odhalili přítomnost non-LTR (long terminal repeat) retrotranspozónu *L1-2_DR*, jehož nekompletní kopie se nacházely poblíž kódující oblasti genu pro 5S rRNA. Práci, které dokumentují asociaci konkrétních transponovatelných elementů (TEs) s neobvykle namnoženým počtem lokusů rDNA ryb přibývá (např. Cioffi M.B. et al. 2010; Symonová R. et al. 2013; da Silva M. et al. 2016; Symonová R. et al. 2017). Zdá se tedy, že rDNA je (alespoň u některých organismů) vhodný marker spíše pro zachycení rozdílné dynamiky genomů u příbuzných druhů, která může případně souviset s probíhajícím procesem genomové divergence a speciace (Symonová R. et al. 2013). Evoluční změny v karyotypu mohou lépe odhalit více konzervované markery jako je např. klastr genů pro histon H3 (např. Zhang L. et al. 2007). Mapování rDNA pomocí FISH má však stále velký potenciál při detekci hybridních a polyploidních forem a identifikaci parentálních druhů (např. Zhu H.P. et al. 2006; Zhang C. et al. 2015) a – jak se ukazuje čím dál častěji – při studiu diferenciaci pohlavních chromozómů (viz dále).

Sekavky čeledi Botiidae podstoupily pravděpodobně jednu evolučně starou polyploidizační událost

Dvě publikace (Bohlen J. et al. 2016; Sember A. et al. 2018b) byly zaměřeny na analýzu polyploidizační události u sekavek z monofyletické čeledi Botiidae. Dvanáct druhů bylo vybráno jako reprezentativní vzorek pro porovnání diploidní a tetraploidní linie. Stejně jako u mřenek se jednalo o první vhléd do karyotypových/genomových charakteristik pomocí molekulární cytogenetiky (Sember A. et al. 2018b). Naše výsledky ukázaly odlišnou evoluční dynamiku klastrů repetitivních genů, klesající ve směru 5S rDNA > 45S rDNA > U2 snDNA. Je pozoruhodné, že až na jednu výjimku (paradoxně diploidní druh *Leptobotia microphthalmia*, 4 signály), všechny druhy ukázaly stabilní počet dvou klastrů U2 snDNA (Obr. 1a). I s ohledem na narůstající množství výsledků mapování tohoto markeru u ryb (např. Yano C.F. et al. 2017b a práce zde uvedené) se zdá, že by U2 snDNA mohl představovat podobně konzervativní marker jako např. histon H3. V našem konkrétním případě je zejména pozoruhodná přítomnost dvou místo čtyř předpokládaných klastrů U2 snDNA u tetraploidů (Obr. 1a). To naznačuje, že genomy polyploidních sekavek dospěly do pokročilé fáze re-diploidizace. Dá se z toho tedy odvodit, že evoluční linie Botiidae skutečně prodělala již relativně starou polyploidizaci a vzhledem k uniformitě pozorovaného počtu signálů U2 snDNA se jednalo s velkou pravděpodobností o jedinou událost. Naopak počty signálů rDNA znovu nekorelují (až na výjimky – *Botia almorhae* a *B. udomritthiruji*) s fylogenetickými vztahy, nejsou informativní z hlediska analýzy polyploidie a poněkud překvapivě vykazují větší variabilitu u diploidních druhů. Výraznou výjimkou je druh *Yasuhikotakia lecontei* s amplifikovaným a zároveň variabilním počtem klastrů 5S rDNA (13-24) (Obr. 1a). Obecně se dá říci, že mozaika diploidních a tetraploidních počtů lokusů rDNA markerů u polyploidů naznačuje poměrně značné rozdíly v mezidruhové post-polyploidní dynamice genomů sekavek. Navzdory některým dřívějším hypotézám (např. Kaewmad P. et al. 2014), ani naše rozsáhlá karyotypová analýza nás nepřiblížila k vyřešení otázky, zda duplikace genomu proběhla mechanismem auto- nebo alopolyplodie. Získaná data ale mohou být užitečná pro vyhodnocení právě probíhajících sekvenačních analýz genomů vybraných sekavek.

Areály zástupců Botiinae a Leptobotiinae se obvykle vůbec nepřekrývají, ale výjimečně se někteří zástupci rodů *Leptobotia*, *Parabotia* (Leptobotiinae) a *Sinibotia* (Botiinae) vyskytují na společných lokalitách v oblasti některých toků čínských řek (Kottelat M. 2012). Studie Bohlen et al. (2016) analyzuje sekavky druhů *Sinibotia pulchra*, *Botia zebra* (Botiinae) a *Leptobotia guilinensis* (Leptobotiinae), vyskytujících se sympatricky v určitém úseku jihočínské řeky Li. I přes značné geografické rozšíření ostatní kongenerických druhů rodů *Sinibotia* a *Leptobotia* v rámci Asie (včetně *S. pulchra*), druhy *B. zebra* a *L. guilinensis* jsou endemitem pro danou lokalitu. Pozoruhodná je dále nápadná podobnost zmíněných druhů v řadě diagnostických morfologických znacích. Cílem studie Bohlen et al. (2016) proto bylo analyzovat a posoudit, zda je sekavka *B. zebra* produktem mezidruhového křížení druhů *L. guilinensis* a *S. pulchra*. Naše analýza kombinovala morfologická, fylogenetická, alozymová a cytogenetická data. S výjimkou morfologických dat, výsledky všech ostatních analýz vedly k zamítnutí hypotézy o hybridním původu. Ani následné experimenty FISH nenaznačily intermediární hybridizační vzory (Sember A. et al. 2018b). Hlavním výsledkem studie je tedy odhalení neobvyklých mimikry druhu *B. zebra* srovnatelných např. s pozorováním u pancéřníků rodu *Corydoras* (Alexandrou M.A. et al. 2011). Soudíme tedy, že *B. zebra* je zástupcem rodu *Sinibotia* a

že se jedná o druh s výbornou morfologickou adaptací (napodobující diploidní druh *L. guilinensis*) na dané prostředí.



Obr. 1: Příklady výsledků hybridizačních experimentů. S výjimkou obrázku (B) se jedná o mitotické chromozómy. Chromozómy jsou podbarveny DAPI (modrá; s výjimkou obrázku F, kde je DAPI v červené pseudobarvě, pro lepší kontrast). (A) FISH se sondami pro 5S rDNA (zelené signály) a U2 snDNA (červené signály) u sekavky *Yasuhikotakia lecontei*. (B) CGH na meiotických chromozómech v pozdní profázi I u hybridogenetického skokana zeleného *Pelophylax esculentus*. Sondami jsou celogenomové DNA z *P. ridibundus* (červená) a *P. lessonae* (zelená). Zde šipky ukazují příklady bivalentů tvořených homeologickými chromozómy parentálních genomů, otevřené trojúhelníkové šipky míří na standardní bivalenty a hvězdička indikuje příklad univalentu. (C,D) WCP u samce *Hoplias malabaricus* (karyomorfa G); (C) Sondy jsou připravené z Y chromozómu karyomorfy F (zelená) a Y₁ chromozómu karyomorfy G (červená); (D) Sondy jsou připravené z X chromozómu karyomorfy B (zelená) a X₁ chromozómu karyomorfy D (červená). (E) CGH u *Triplotheus signatus*. Hybridizace samčí (červená) a samičí (zelená) celogenomové sondy ukazuje akumulaci samičích specifických sekvencí na chromozómu W. Akumulace repetitivní DNA shodné pro obě pohlaví vytváří kompozitní žluté signály. Rámeček vlevo ukazuje pozici klastrů rDNA. Rámeček vpravo ukazuje hybridizační vzor po použití WCP s chromozómy Z (červená) a W (zelená) ze sesterského druhu *T. auritus*. (F) Telomerická PNA FISH u sekavky *Leptobotia guilinensis*. Telomerická sonda (zelená, resp. kompozitní žlutá). Ve spodním rámečku jsou chromozómy, jejichž 45S rDNA klastry (zde značené Chromomycinem A3 – červená; DAPI v zelené pseudobarvě) ko-lokalizují s telomerickými sekvencemi.

Mechanismus genomové eliminace není uniformní u různých populací hybridogenetického skokana *P. esculentus*

Studie Doležálková et al. (2016) sledovala strukturu a chování rodičovských genomů v různých fázích spermatogeneze hybridní populace samců *P. esculentus* pomocí metody CGH (jejíž zavedení a optimalizace pro experimenty na nižších obratlovcích v rámci naší laboratoře byly podkladem pro sepsání knižní kapitoly – Symonová R. et al. 2015). Hlavním výsledkem této práce bylo zjištění, že u některých samců jsou oba rodičovské genomy stále přítomny v profázi prvního meiotického dělení (Obr. 1b), což není v souladu s obecně rozšířenou hypotézou premeiotické eliminace. Na základě těchto výsledků jsme odvodili dvě pracovní hypotézy: i) eliminace genomu může být posunuta do pozdějších fází meiózy nebo ii) k eliminaci nedochází vůbec, dochází pouze k separaci genomů ve druhém meiotickém dělení. Zároveň je patrné, že proces eliminace není uniformní mezi různými populacemi *P. esculentus* (Dedukh D. et al. 2015). Navazující projekty se budou soustředit na bližší charakterizaci mechanismů programované eliminace DNA moderními metodami molekulární (cyto)genetiky.

Dynamika pohlavních chromozómů u trahira *Hoplias malabaricus*

Cílem studií de Oliveira et al. (2018) a Sember et al. (2018a) bylo identifikovat přítomnost homomorfních pohlavních chromozómů u karyomorfů *H. malabaricus*, kde dosud nebyly pohlavní chromozómy nalezeny a analyzovat míru diferenciací na molekulární úrovni u všech objevených pohlavních chromozómů. V neposlední řadě dosud nebyl objasněn mechanismus vzniku neo-pohlavního systému XY_1Y_2 u karyomorfy G. Některé další otázky týkající se míry homologie mezi systémy byly řešeny pomocí experimentů s využitím malovacích sond (WCP).

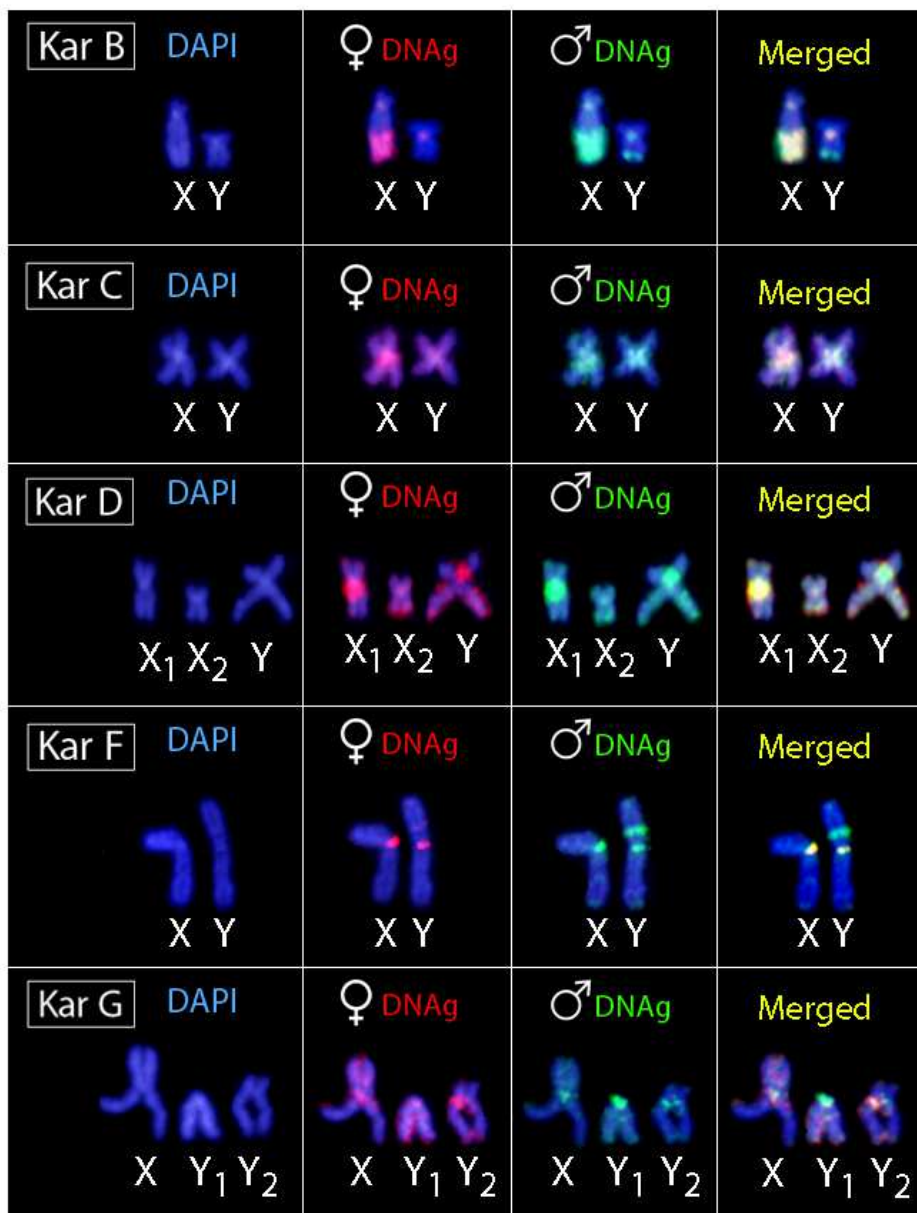
Již dříve pomohlo mapování různých repetitivních sekvencí metodou FISH zodpovědět řadu otázek ohledně homologie pohlavních chromozómů mezi karyomorfy *H. malabaricus* (Cioffi M.B. et al. 2012). Vyšlo mimo jiné najevo, že karyomorfa B je odvozená z karyomorfy A a že karyomorfy A-D jsou si více příbuzné, podobně jako tomu je u karyomorfů E-G (Bertollo L.A.C. et al. 2000; Cioffi M.B. et al. 2012). Malovací sondy připravené mikrodisekcí z různých pohlavních chromozómů navíc ukázaly nezávislý vývoj pohlavních chromozómů karyomorfy B, C resp. D a nezávislý vývoj mnohočetných neopohlavních chromozómů mezi druhy *H. malabaricus* a *E. erythrinus* z jiných párů autozómů (Cioffi M.B. et al. 2011b,c; Cioffi M.B. et al. 2013). Řada otázek ovšem zůstala nezodpovězena, zejména ohledně evolučních vztahů karyomorfů E, F a G. Dostalo se mi té příležitosti zapojit se v rámci postdoktorské stáže do tohoto výzkumu v brazilské laboratoři v São Carlos, kde se výše nastíněné problematice věnují několik desítek let a kde jsou autory převážně větší stěžejních publikací na dané téma.

Výsledky CGH zaměřené na porovnání divergence repetitivních oblastí genomu mezi karyomorfy potvrdily teorie o druhovém komplexu a možnosti post-zygotické reproduktivní izolace mezi izolovanými populacemi (Sember A. et al. 2018b). Výsledky experimentů CGH zaměřených na charakterizaci pohlavních chromozómů znázorňuje Obr. 2. U karyomorfy A ani přes indicie z předchozích studií (Cioffi M.B. et al. 2011c; Cioffi M.B. et al. 2013) nebyla nalezena žádná pohlavně specifická oblast na chromozómech u samců. Kromě možnosti absence nascentních pohlavních chromozómů však není možné zcela vyloučit nedostatečnou akumulaci pohlavně specifických sekvencí do míry, která by odpovídala rozlišovací schopností metody CGH. Případy, kdy metoda CGH selhala u jinak potvrzených pohlavních chromozómů, jsou známy (např. Altmanová M. et al.

2016; Green J.E. et al. 2016), stejně tak jako příklad úspěšné aplikace na velmi mladých pohlavních chromozómech (Montiel E.E. et al. 2017). Žádná detekovatelná akumulace samčích specifických signálů nebyla nalezena ani u neopohlavních chromozómů X_1X_2Y samců karyomorfy D. Tento systém prokazatelně vznikl ze systému XY u karyomorfy C (Cioffi M.B. et al. 2011c), kde ovšem u samců metoda CGH náznak molekulární diferenciace mezi X a Y ukázala a výsledek je v souladu s předpokládanou ranou fází tohoto procesu (Cioffi M.B. a Bertollo L.A.C. 2010). U karyomorfy B se podařilo vizualizovat drobnou pohlavněspecifickou oblast na konci dlouhých ramének chromozómu Y. Tento systém pohlavních chromozómů je atypický z toho důvodu, že k akumulaci repetice došlo nikoliv na Y, nýbrž na X chromozómu (Cioffi M.B. et al. 2012). Podobná situace je známa i u některých dalších ryb (např. Henning F. et al. 2008). Takový případ může být alternativně vysvětlen delecí bloku repetitivních sekvencí na chromozómu Y (Salvadori S. et al. 2018). U karyomorfy F byly odhaleny nascentní pohlavní chromozómy tvořené největším metacentrickým párem. Skutečnost, že do pohlavně specifické oblasti slabě mapovaly i samičí sekvence svědčí o časně fázi diferenciace. Nakonec byl odhalen pohlavně specifický úsek na chromozómu Y_1 u karyomorfy G, kde mimo jiné akumulují i některé konkrétní repetitivní sekvence (de Oliveira E.A. et al. 2018).

Výsledky WCP s malovacími sondami odvozenými z pohlavních chromozómů odhalily homologii mezi pohlavními chromozómy F a G (Obr. 1c), čímž byla potvrzena hypotéza, že tyto karyomorfy jsou příbuzné. Dále byla zjištěna absence homologie s dalšími pohlavními systémy u karyomorf *H. malabaricus* (tzn., že se vyvinuly z jiných párů autozómů) (Obr. 1d). Nakonec naše analýzy potvrdily, že pohlavní chromozómy karyomorf F a G vznikly mechanismem (pravděpodobně tandemové) fúze. Náš předpokládaný evoluční scénář počítá s paralelním vývojem pohlavních chromozómů z karyotypu společného předka, kterým by mohla být karyomorfa E. To však bohužel v této fázi nebylo možné ověřit, neboť se jedince karyomorfy E nepodařilo na endemité lokalitě nachytat. Na základě dostupných dat jsme odvodili, že u karyomorfy F došlo k fúzi obou chromozómů ze zúčastněných párů, zatímco u karyomorfy G došlo k fixaci produktu fúze v heterozygotní formě. Situace u karyomorfy G je v souladu s hypotézou, že v malých populacích náchylných v inbreedingu selekce působící ve prospěch zachování heterozygotity konkrétních genů může podporovat fixaci neopohlavních chromozómů (Charlesworth B. a Wall J.D. 1999).

Další série experimentů WCP odhalila, že pohlavní chromozómy karyomorf F a G nesdílejí homologii s pohlavními chromozómy příbuzného druhu *E. erythrinus* a malovací sondy z nich připravené mapují na různý počet autozómů u dalších zástupců trahirovitých (*H. lacerdae* a *Hoplerythrinus unitaeniatus*).



Obr. 2: Molekulární diferenciace pohlavních chromozómů u *H. malabaricus* na základě metody CGH. První sloupec: chromozómy podbarvené DAPI. Druhý sloupec: hybridizační vzor samčí specifické sondy (červená). Třetí sloupec: hybridizační vzor samičí specifické sondy (zelená). Čtvrtý sloupec: spojené obrázky všech kanálů. Akumulace repetitivní DNA shodné pro obě pohlaví vytváří kompozitní žluté signály. Obrázek nezahrnuje karyomorf A, kde nebyl nalezen žádný chromozómový pár s potenciálně pohlavně specifickou akumulací sekvencí a karyomorf E, jejíž jedinci nebyli do experimentů zahrnuti. Výrazná akumulace samčích specifických sekvencí je vidět na Y chromozómu karyomorf B (terminální oblast dlouhých ramének) a F (intersticiální signál) a na Y₁ chromozómu karyomorfy G (krátká raménka). Náznak diferenciace na Y chromozómů lze pozorovat u karyomorfy C (pericentromerická oblast).

Závěrem tedy můžeme říci, že výsledky podporují teorii o pokročilé fázi reprodukční izolace (s velkou pravděpodobností na úrovni post-zygotické bariéry) mezi karyomorfy *H. malabaricus*, která může souviset s fixací karyotypových změn v izolovaných populacích i s evolucí různých systémů pohlavních chromozómů.

Analýza nascentních pohlavních chromozómů ryb je velice užitečná pro rekonstrukci evoluce pohlavních chromozómů obratlovců, neboť jiné skupiny obratlovců disponují evolučně starými a konzervovanými gonozómy (přehled viz Schartl M. et al. 2016). S přispěním značných pokroků v moderních sekvenačních technologiích a dalších příbuzných metodách se (nejen) u ryb rozšiřují technologické možnosti analýzy dosud skrytých (cytologicky nedetekovatelných) pohlavně specifických oblastí na často nascentních pohlavních chromozómech (např. Baker R.H. a Wilkinson G.S. 2010; Reichwald K. et al. 2015; Gamble T. 2016; Muyle A. et al. 2017; Portela-Bens S. et al. 2017; Li S. et al. 2018; Liu H. et al. 2018; Purcell C.M. et al. 2018). Zatímco přítomnost repetitivních sekvencí a hemizygotní stav alozómů v genomu dosud často bránily v poskládání sekvence Y nebo W chromozómů (Tomaszkiewicz M. et al. 2017), izolace pohlavních chromozómů pomocí mikrodisekce nebo sortování na průtokovém cytometru může zásadně zvýšit šanci (a snížit náklady) na efektivní osekvenování těchto chromozómů s relativně vysokým pokrytím sekvencí (neboli coverage; např. Traut W. et al. 2013; Tomasziewicz M. et al. 2017). Paralelními strategiemi, které se ukázaly být jako velice účinné, jsou sekvenování delších sekvenčních čtení (readů) (např. Conte M.A. et al. 2017) nebo Restriction site-associated DNA sequencing (RAD-seq) a příbuzné metody (Gamble T. 2016; Lambert M.R. et al. 2016; Zhang A. et al. 2017). Výše uvedené strategie jsou dalším logickým krokem, kterým se bude ubírat výzkum pohlavních chromozómů u čeledi Erythrinidae, s rozšířením výzkumu na zástupce příbuzných čeledí.

Společný původ, avšak odlišná dynamika diferenciaci pohlavních chromozómů ZW u tetér rodu *Triportheus*

Experimenty FISH a WCP s malovacími sondami připravenými z W a Z chromozómů bazálního druhu *T. auritus* (Yano C.F. et al. 2017a) potvrdily u tetér rodu *Triportheus* společný původ pohlavních chromozómů ZW a navíc ukázaly rozdílnou rychlost degenerace W chromozómu, která neodpovídá recentním fylogenetickým vztahům (Mariguela T.C. et al. 2016) (Obr. 1e). U různých druhů byly na W chromozómu amplifikovány různé typy repetitivních sekvencí. Metoda CGH použita u druhu *T. signatus* ukázala jednoznačně pohlavně specifickou oblast na chromozómu W (Obr. 1e) (Yano C.F. et al. 2017a).

Srovnání nestabilních a málo diferencovaných pohlavních chromozómů XY, s absencí mezidruhově homologie (Erythrinidae a řada dalších skupin ryb; Mank J.E. et al. 2006; Mank J.E. a Avise J.C. 2009; Cioffi M.B. et al. 2011c, 2013) s konzervovaným systémem ZZ/ZW monofyletického původu v pokročilé fázi diferenciaci a akumulace heterochromatinu na alozómu W u tetér rodu *Triportheus* je pozoruhodné. Zatímco v obou případech hrají určitou důležitou roli v diferenciaci repetitivní sekvence, je zde nápadný rozdíl v míře, s jakou tyto sekvence akumulují na obou typech pohlavních chromozómů. U ryb a zejména u těch Neotropických je obecně pozorovaný trend, že (na rozdíl od některých jiných taxonů v živočišné a rostlinné říši – např. Mariotti B. et al. 2009; Bachtrog D. 2013; Palacios-Gimenez O.M. et al. 2017) neopohlavní chromozómy odvozené ze systémů XY neobsahují nápadnou akumulaci repetitivních sekvencí (např. de Oliveira R.R. et al. 2008; Sember A. et al. 2015; Ferreira M. et al. 2016; Cioffi M.B. et al. 2017). Zároveň je patrná nápadná převaha neopohlavních chromozómů odvozených ze systému XY oproti systé-

mu ZW (Kitano J. a Peichel C.L. 2012, Pennell M.W. et al. 2015). Jako jedno z možných vysvětlení se nabízí schopnost tvorby stabilních multivalentů pohlavních chromozómů z pohlavních chromozómů XY, neboť často pozorovaná masivní akumulace heterochromatinu u systému ZW může s tímto procesem interferovat (diskutováno v Cioffi M.B. et al. 2017). Je ovšem ještě možné, že podstatnou roli zde hraje samičí meiotický tah, který by u samic s neopohlavním systémem odvozeným ze ZW gonozómů vedl k nenáhodné segregaci multivalentu, a tudíž k citelnému vychýlení poměru pohlaví v potomstvu (Pokorná M. et al. 2014). Budoucí srovnávací studie diferenciaci pohlavních chromozómů se samčí a samičí heterogametií mohou přinést zásadní poznatky důležité k pochopení obecných principů evoluce pohlavních chromozómů.

Neobvyklé hybridizační vzory mapovaných chromozómových markerů a jejich možný strukturní a/nebo evoluční význam

Mimo hlavní rámec výsledků v uvedených studiích jsme zaznamenali některé neobvyklé karyotypové jevy, které souvisejí s akumulací konkrétních repetitivních sekvencí ve specifických oblastech genomu. Studie u sekavcovitých ryb (Sember A. et al. 2015, 2018b) shodně ukázaly případy neobvyklé akumulace telomerických sekvencí (nebo repetitivních sekvencí od nich přímo odvozených, tzv. „telomere-like“) v oblastech současného výskytu klastrů 45S rDNA (Obr. 1f). Tato přímá ko-lokalizace tandemových bloků, které mohou pokrývat i celá chromozómová ramena, byla pozorována i u jiných ryb (de Sousa J.F.S. et al. 2017; Machado M.A. et al. 2018 a práce zde uvedené), stejně jako u jiných organismů (např. Zhdanova N.S. et al. 2007). Jaký má tato asociace funkční význam, nebo zda se jedná jen o vedlejší efekt vysoké frekvence rekombinace v obou typech repetitivních sekvencí (přehledy viz Fouquerel E. et al. 2016; Tsekrekou M. et al. 2017), není úplně jasné. Je však zřejmé, že tato asociace nemusí mít přímý vliv na umlčení transkripce genů rDNA (Sember A. et al. 2018b a práce zde uvedené). Současné studie naznačují, že rDNA může hrát podpůrnou strukturní úlohu ve stabilizaci telomer a naopak telomery mohou být zahrnuty v organizaci jadérka (Zhdanova N.S. et al. 2007, Stimpson K.M. et al. 2014 a práce uvedené v de Sousa et al. 2017). Budoucí práce ukážou význam této asociace.

U mřenky *S. fasciolata* (Sember A. et al. 2015), některých karyomorů trahirů *H. malabaricus* (Cioffi M.B. et al. 2012, de Oliveira E.A. et al. 2018) a tetér rodu *Triportheus* (Yano C.F. et al. 2016, 2017a,b; Cioffi et al. 2017 a práce zde uvedené) byly nalezeny klastry rDNA (5S nebo 45S) na párových či nepárových pohlavních chromozómech. V případě karyomorfy G u *H. malabaricus* (de Oliveira et al. 2018) a tetry *T. signatus* se navíc jednalo o přímou ko-lokalizaci s pohlavně specifickou oblastí detekovanou pomocí metody CGH. Podobné výsledky byly získány také u dalších obratlovců (např. Kawai A. et al. 2007). Již dříve Reed a Phillips (1997) odvodili na základě výsledků u sivenů (rod *Salvelinus*), že klastry rDNA mohou hrát významnou úlohu v diferenciaci pohlavních chromozómů, konkrétně mechanismem změny rekombinační četnosti. V tomto ohledu je pozoruhodná studie u ryby *Aulopus japonicus*, kde hybridizační sonda pro 5S rDNA pokrývá celý W chromozóm (Ota K. et al. 2003). Existuje i práce u netopýrů (Noronha R.C.R. et al. 2009), kde klastr rDNA pravděpodobně působí jako bariéra proti rozšíření meiotické inaktivace do autozomální části neo-X chromozómu.

Závěr

Soubor zde prezentovaných prací se zaměřuje na využití molekulární cytogenetiky při studiu karyotypové diferenciaci, dynamiky genomu a pohlavních chromozómů u vybraných skupin kostnatých ryb a u skokanů rodu *Pelophylax*. Důraz byl kladen na kombinaci cytogenetických dat s výsledky dalších metodologických přístupů a na analýzu témat souvisejících s evolucí a ekologií. Studie zde prezentované demonstrují značný potenciál metod moderní molekulární cytogenetiky, které v posledních letech těží z technologických inovací zejména v oblasti mikroskopie, genomiky a bioinformatiky. Vychází najevo, že i v době post-genomové mohou cytogenetická data kombinovaná s výsledky jiných biologických disciplín vhodně přispět k zodpovězení komplexních biologických otázek.

Literatura

- Albert J.S.; Reis, R.E. Introduction to neotropical freshwaters. In: Albert J.S.; Reis, R.E. (Eds.). Historical Biogeography of Neotropical Freshwater Fishes. University of California Press, Berkeley. 2011. pp. 3–20.
- Alkan, C.; Sajjadian, S.; Eichler, E.E. Limitations of next-generation genome sequence assembly. *Nat. Methods*. 2011, 8, 61–65.
- Alexandrou, M.A.; Oliveira, C.; Maillard, M.; McGill, R.A.; Newton, J.; Creer, S.; Taylor, M.I., et al. Competition and phylogeny determine community structure in Müllerian mimics. *Nature*. 2011, 469, 84–88.
- Altmanová, M.; Rovatsos, M.; Kratochvíl, L.; Johnson Pokorná, M. Minute Y chromosomes and karyotype evolution in Madagascan iguanas (Squamata: Iguania: Opluridae). *Biol. J. Linn. Soc.* 2016, 118, 618–633.
- Alves, M.J.; Coelho, M.M.; Collares-Pereira, M.J. Evolution in action through hybridisation and polyploidy in an Iberian freshwater fish: a genetic review. *Genetica* 2001, 111, 375–85.
- Amemiya, C.T.; Gold, J.R. Chromosomal NORs as taxonomic and systematic characters in North American cyprinid fishes. *Genetica* 1988, 76, 81–90.
- Arai, R. Fish Karyotypes: A Check List. 1st ed. Tokyo: Springer; 2011. 340 pp.
- Araya-Jaime, C.; Mateussi, N.T.B.; Utsunomia, R.; Costa-Silva, G.J.; Oliveira, C.; Foresti, F. ZZ/Z0: the new system of sex chromosomes in *Eigenmannia* aff. *trilineata* (Teleostei: Gymnotiformes: Sternopygidae) characterized by molecular cytogenetics and DNA barcoding. *Zebrafish* 2017, 14, 464–470.
- Artoni, R.F.; Falcão, J.N.; Moreira-Filho, O.; Bertollo, L.A.C. An uncommon condition for a sex chromosome system in Characidae fish. Distribution and differentiation of the ZZ/ZW system in *Triporthus*. *Chromosome Res.* 2001, 9, 449–456.
- Bachtrog, D. Y-chromosome evolution: emerging insights into processes of Y-chromosome degeneration. *Nat. Rev. Genet.* 2013, 14, 113124.
- Baker, R.H.; Wilkinson, G.S. Comparative genomic hybridization (CGH) reveals a neo-X chromosome and biased gene movement in stalk-eyed flies (genus *Teleopsis*). *PLoS Genet.* 2010, 6, e1001121.
- Barrero, R.A.; Guerrero, F.D.; Black, M.; Mccooke, J.; Chapman, B.; Schilkey, F., et al. Gene-enriched draft genome of the cattle tick *Rhipicephalus microplus*: assembly by the hybrid Pacific Biosciences / Illumina approach enabled analysis of the highly repetitive genome. *Int. J. Parasitol.* 2017; doi:10.1016/j.ijpara.2017.03.007
- Bertollo, L.A.C.; Born, G.G.; Dergam, J.A.; Fenocchio, A.S.; Moreira-Filho, O. A biodiversity approach in the Neotropical fish *Hoplias malabaricus*. Karyotypic survey, geographic

- distribution of cytotypes and cytotaxonomic considerations. *Chromosome Res.* 2000, 8, 603–613.
- Bi, K.; Bogart, J.P. Identification of intergenomic recombinations in unisexual salamanders of the genus *Ambystoma* by genomic in situ hybridization (GISH). *Cytogenet. Genome Res.* 2006, 112, 307–312.
- Bohlen, J.; Šlechtová, V.; Šlechta, V.; Šlechtová, V.; Sember, A.; Ráb, P. A ploidy difference represents an impassable barrier for hybridisation in animals. Is there an exception among botiid loaches (Teleostei: Botiidae)? *PLoS One* 2016, 11, e0159311.
- Bracewell, R.R.; Bentz, B.J.; Sullivan, B.T.; Good, J.M. Rapid neo-sex chromosome evolution and incipient speciation in a major forest pest. *Nat. Commun.* 2017, 8, 1593.
- Bueno, V.; Venere, P.C.; Konerat, J.T.; Zawadski, C.H.; Vicari, M.R.; Margarido, V.P. (2014): Physical mapping of the 5S and 18S rDNA in ten species of *Hypostomus* Lacépède 1803 (Siluriformes: Loricariidae): Evolutionary tendencies in the genus. *Sci. World J.* 2014. doi: 10.1155/2014/943825.
- Camacho, J.P.M.; Ruiz-Ruano, F.J.; Martín-Blázquez, R.; López-León M.D.; Cabrero, J.; Lorite, P., et al. A step to the gigantic genome of the desert locust: chromosome sizes and repeated DNAs. *Chromosoma* 2014, 124, 263–275.
- Cardoso, Y.P.; Rosso, J.J.; Mabragaña, E.; González-Castro, M.; Delpiani, M.; Avigliano, E., et al. A continental-wide molecular approach unraveling mtDNA diversity and geographic distribution of the Neotropical genus *Hoplias*. *PLoS One* 2018, 13, 1–25.
- Castro, J.; Rodriguez, S.; Pardo, B.G.; Sánchez, L.; Martínez, P. Population analysis of an unusual NOR-site polymorphism in brown trout (*Salmo trutta* L.). *Heredity.* 2001, 86, 291–303.
- Cioffi, M.B.; Bertollo, L.A.C. Initial steps in XY chromosome differentiation in *Hoplias malabaricus* and the origin of an X₁X₂Y sex chromosome system in this fish group. *Heredity* 2010, 105, 554–561.
- Cioffi, M.B.; Liehr, T.; Trifonov, V.; Molina, W.F.; Bertollo, L.A.C. Independent sex chromosome evolution in lower vertebrates: a molecular cytogenetic overview in the Erythrinidae fish family. *Cytogenet. Genome Res.* 2013, 141, 186–194.
- Cioffi, M.B.; Martins, C.; Bertollo, L.A.C. Chromosome spreading of associated transposable elements and ribosomal DNA in the fish *Erythrinus erythrinus*. Implications for genome change and karyoevolution in fish. *BMC Evol. Biol.* 2010, 10, 271:1–271:9.
- Cioffi, M.B.; Molina, W.F.; Artoni, R.F.; Bertollo, L.A.C. Chromosomes as tools for discovering biodiversity – the case of Erythrinidae fish family. In: Tirunilai, P. (Ed.). *Recent Trends in Cytogenetic Studies – Methodologies and Applications*. InTech Publisher, Rijeka, 2012. pp. 125–146.
- Cioffi, M.B.; Molina, W.F.; Moreira-Filho, O.; Bertollo, L.A.C. Chromosomal distribution of repetitive DNA sequences highlights the independent differentiation of multiple sex chromosomes in two closely related fish species. *Cytogenet. Genome Res.* 2011a, 134, 295–302.
- Cioffi, M.B.; Moreira-Filho, O.; Ráb, P.; Sember, A.; Molina, W.F.; Bertollo, L.A.C. Conventional cytogenetic approaches – useful and indispensable tools in discovering fish biodiversity. *Curr. Genet. Med. Rep.* 2018, 6, 176–186.
- Cioffi, M.B.; Sánchez, A.; Marchal, J.A.; Kosyakova, N.; Liehr, T.; Trifonov, V., et al. Cross-species chromosome painting tracks the independent origin of multiple sex chromosomes in two cofamiliar Erythrinidae fishes. *BMC Evol. Biol.* 2011b, 11, 186:1–186:7.

- Cioffi, M.B.; Sánchez, A.; Marchal, J.A.; Kosyakova, N.; Liehr, T.; Trifonov, V. et al. Whole chromosome painting reveals independent origin of sex chromosomes in closely related forms of a fish species. *Genetica* 2011c, 139, 1065–1072.
- Cioffi, M.B.; Yano, C.F.; Sember, A.; Bertollo, L.A.C. Chromosomal evolution in lower vertebrates: sex chromosomes in neotropical fishes. *Genes* 2017, 8, 258.
- Colihueque, N.; Iturra, P.; Estay, F.; Díaz, N.F. Diploid chromosome number variations and sex chromosome polymorphism in five cultured strains of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 2001, 198, 63–77.
- Conte, M.A.; Gammerdinger, W.J.; Bartie, K.L.; Penman, D.J.; Kocher, T.D. A high quality assembly of the Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*) genome reveals the structure of two sex determination regions. *BMC Genomics* 2017, 18, 341.
- da Silva, M.; Barbosa, P.; Artoni, R.F.; Feldberg, E. Evolutionary dynamics of 5S rDNA and recurrent association of transposable elements in electric fish of the family Gymnotidae (Gymnotiformes): the case of *Gymnotus mamiraua*. *Cytogenet. Genome Res.* 2016, 149, 297–303.
- de Barros, L.C.; Piscor, D.; Parise-Maltempi, P.P.; Feldberg, E. Differentiation and evolution of the W chromosome in the fish species of *Megaleporinus* (Characiformes, Anostomidae). *Sex Dev.* 2018, doi:10.1159/000489693.
- de Oliveira, E.A. a Sember, A. (sdílené prvoautorství); Bertollo, L.A.C.; Yano, C.F.; Ezaz, T.; Moreira-Filho, O., et al. Tracking the evolutionary pathway of sex chromosomes among fishes: characterizing the unique XX/XY₁Y₂ system in *Hoplias malabaricus* (Teleostei, Characiformes). *Chromosoma* 2018, 127, 115–128.
- de Oliveira, R.R.; Feldberg, E.; dos Anjos, M.B.; Zuanon, J. Occurrence of multiple sexual chromosomes (XX/XY₁Y₂ and Z₁Z₁Z₂Z₂/Z₁Z₂W₁W₂) in catfishes of the genus *Ancistrus* (Siluriformes: Loricariidae) from the Amazon basin. *Genetica* 2008, 134, 243–249.
- de Sousa, J.F.S.; Viana, P.F.; Bertollo, L.A.C.; Cioffi, M.B.; Feldberg, E. Evolutionary relationships among *Boulengerella* species (Ctenoluciidae, Characiformes): genomic organization of repetitive DNAs and highly conserved karyotypes. *Cytogenet. Genome Res.* 2017, 152, 194–203.
- Dedukh, D.; Litvinchuk, S.N.; Rosanov, J.M.; Shabanov, D.A.; Krasikova, A.K. Crossing experiments reveal gamete contribution into appearance of di- and triploid hybrid frogs in *Pelophylax esculentus* population systems. *Chromosome Res.* 2015, 23, 380–1.
- Devlin, R.H.; Nagahama, Y. Sex determination and sex differentiation in fish: an overview of genetic, physiological, and environmental influences. *Aquaculture* 2002, 208, 191–364.
- Dion-Côté, A.-M.; Symonová, R.; Ráb, P.; Bernatchez, L. Reproductive isolation in a nascent species pair is associated with aneuploidy in hybrid offspring. *Proc. R. Soc. B. Biol. Sci.* 2015, 282, 20142862.
- Doležálková, M.; Sember, A.; Marec, F.; Ráb, P.; Plötner, J.; Choleva, L. Is premeiotic genome elimination an exclusive mechanism for hemiclinal reproduction in hybrid males of the genus *Pelophylax*? *BMC Genet.* 2016, 17, 100.
- Eschmeyer, W.N.; Fricke, R.; van der Laan, R. Catalog of Fishes: Genera, Species, References. [citováno 29.12.2018]. Dostupné z: <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>
- Fajkus, P.; Peška, V.; Sitová, Z.; Fulnečková, J.; Dvořáčková, M.; Gogela, R., et al. *Allium* telomeres unmasked: the unusual telomeric sequence (CTCGTTATGGG)_n is synthesized by telomerase. *Plant J.* 2016, 85, 337–347.
- Fantinatti, B.E.A.; Mazzuchelli, J.; Valente, G.T.; Cabral-de-Mello, D.C.; Martins, C. Genomic content and new insights on the origin of the B chromosome of the cichlid fish *Astatotilapia latifasciata*. *Genetica* 2011, 139, 1273–1282.

- Ferreira, M.; Garcia, C.; Matoso, D.A.; de Jesus, I.S.; Feldberg, E. A new multiple sex chromosome system $X_1X_1X_2X_2/X_1Y_1X_2Y_2$ in Siluriformes: cytogenetic characterization of *Bunocephalus coracoideus* (Aspredinidae). *Genetica* 2016, 144, 591–599.
- Ferreira, M.; Garcia, C.; Matoso, D.A.; de Jesus, I.S.; Cioffi, M.B.; Bertollo, L.A.C., et al. The *Bunocephalus coracoideus* species complex (Siluriformes, Aspredinidae). Signs of a speciation process through chromosomal, genetic and ecological diversity. *Front. Genet.* 2017, 8, 120.
- Fernandes, C.A.; Paiz, L.M.; Baumgärtner, L.; Margarido, V.P.; Vieira, M.M.R. Comparative cytogenetics of the black ghost knifefish (Gymnotiformes: Apterontidae): evidence of chromosomal fusion and pericentric inversions in karyotypes of two *Apterontus* species. *Zebrafish* 2017, 14, 471–476.
- Fouquerel, E.; Parikh, D.; Opresko, P. DNA damage processing at telomeres: the ends justify the means. *DNA Repair* 2016, 44, 159–168.
- Fujimoto, T.; Yasui, G.S.; Yoshikawa, H.; Yamaha, E.; Arai, K. Genetic and reproductive potential of spermatozoa of diploid and triploid males obtained from interspecific hybridization of *Misgurnus anguillicaudatus* female with *M. mizolepis* male. *J. Appl. Ichthyol.* 2008, 24, 430–7.
- Gamble, T. Using RAD-seq to recognize sex-specific markers and sex chromosome systems. *Mol. Ecol.* 2016, 25, 2114–2116.
- Glasauer, S.M.K.; Neuhauss, S.C.F. Whole-genome duplication in teleost fishes and its evolutionary consequences. *Mol. Genet. Genomics* 2014, 289, 1045–1060.
- Green, J.E.; Dalíková, M.; Sahara, K.; Marec, F.; Akam, M. XX/XY system of sex determination in the geophilomorph centipede *Strigamia maritima*. *PLoS One* 2016, 11, e0150292.
- Gregory, T.R. Animal genome size database. [citováno 15.12.2018]. Dostupné z: <http://www.genomesize.com>.
- Guiguen, Y.; Fostier, A.; Herpin, A.; Round, W. Sex determination and differentiation in fish: genetic, genomic, and endocrine aspects In: Wang, H.-P.; Piferrer, F.; Chen, S.-L.; Shen Z.-G. (Eds.). *Sex Control in Aquaculture, Volume I*, 1st ed. . John Wiley & Sons Ltd. doi: 10.1002/9781119127291.ch2
- Heng, H.H.; Horne, S.D.; Chaudhry, S.; Regan, S.M.; Liu, G.; Abdallah, B.Y., et al. A postgenomic perspective on molecular cytogenetics. *Curr. Genomics* 2018, 19, 227–239.
- Henning, F.; Trifonov, V.; Ferguson-Smith, M.A.; Almeida-Toledo, L.F. Non-homologous sex chromosomes in two species of the genus *Eigenmannia* (Teleostei: Gymnotiformes). *Cytogenet Genome Res.* 2008, 121, 55–58.
- Heppich, S.; Tunner, H.G.; Greilhuber, J. Premeiotic chromosome doubling after genome elimination during spermatogenesis of the species hybrid *Rana esculenta*. *Theor. Appl. Genet.* 1982, 61, 101–104.
- Herpin, A.; Scharf, M. Plasticity of gene-regulatory networks controlling sex-determination: of masters, slaves, usual suspects, newcomers, and usurpaters, *EMBO Rep.* 2015, 16, 1260–1274.
- Hurley, I.A.; Mueller, R.L.; Dunn, K.A.; Schmidt, E.J.; Friedman, M.; Ho, R.K.; et al. A new time-scale for ray-finned fish evolution. *Proc. R. Soc. B. Biol. Sci.* 2007, 274, 489–498.
- Charlesworth, B.; Wall, J.D. Inbreeding, heterozygote advantage and the evolution of neo-X and neo-Y sex chromosomes. *Proc. R. Soc. B. Biol. Sci.* 1999, 266, 51–56.
- Choleva, L. 2004. Hybridogenetic reproduction in *Rana esculenta* complex in the upper Odra River drainage. Praha, 83 pp. Diplomová práce, Univerzita Karlova.

- Choleva, L.; Apostolou, A.; Ráb P.; Janko, K. Making it on their own: sperm-dependent hybrid fishes (*Cobitis*) switch the sexual hosts and expand beyond the ranges of their original sperm donors. *Philos. Trans. R. Soc. B. Biol. Sci.* 2008, 363, 2911–2919.
- Choleva, L.; Janko, K.; De Gelas, K.; Bohlen, J.; Šlechtová, V.; Rábová, M.; et al. Synthesis of clonality and polyploidy in vertebrate animals by hybridization between two sexual species. *Evolution* 2012, 66, 2191–2203.
- Jacobina, U.P.; Lima, S.M.Q.; Maia, D.G.; Souza, G.; Batalha-Filho, H.; Torres, R.A. DNA barcode sheds light on systematics and evolution of neotropical freshwater trahiras. *Genetica* 2018, 146, 505–515.
- Jaillon, O.; Aury, J.-M.; Brunet, F.; Petit, J.-L.; Stange-Thomas, N.; Mauceli, E.; Bouneau, L.; et al. Genome duplication in the teleost fish *Tetraodon nigroviridis* reveals the early vertebrate proto-karyotype. *Nature* 2004, 431, 946–957.
- Janko, K.; Bohlen, J.; Lamatsch, D.; Flajšhans, M.; Epplen, J.T.; Ráb, P., et al. The gynogenetic reproduction of diploid and triploid hybrid spined loaches (*Cobitis*: Teleostei), and their ability to establish successful clonal lineages—on the evolution of polyploidy in asexual vertebrates. *Genetica* 2007, 131, 185–94.
- Kaewmad, P.; Monthatong, M.; Supiwong, W.; Saowakoon, S.; Tanomtong, A. Natural autotetraploid and chromosomal characteristics in the subfamily Botiinae (Cypriniformes, Cobitinae) from Northeast Thailand. *Cytologia* 2014, 79, 299–313.
- Kato, A.; Vega, J.M.; Han, F.; Lamb, J.C.; Bircher, J.A. Advances in plant chromosome identification and cytogenetic techniques. *Curr. Opin. Plant. Biol.* 2005, 8, 148–154.
- Kawai, A.; Nishida-Umehara, C.; Ishijima, J.; Tsuda, Y.; Ota, H.; Matsuda, Y. Different origins of bird and reptile sex chromosomes inferred from comparative mapping of chicken Z-linked genes. *Cytogenet. Genome Res.* 2007, 117, 92–102.
- Kitano, J.; Peichel, C.L. Turnover of sex chromosomes and speciation in fishes. *Environ. Biol. Fish.* 2012, 94, 549–558.
- Kitano, J.; Ross, J.A.; Mori, S.; Kume, M.; Jones, F.C.; Chan, Y.F., et al. A role for a neo-sex chromosome in stickleback speciation. *Nature* 2009, 461, 1079–1083.
- Kottelat, M. Conspectus Cobitidum: an inventory of loaches of the world (Teleostei: Cypriniformes: Cobitoidei). *Raffles Bull. Zool.* 2012, Suppl 26, 1–199.
- Knytl, M.; Kalous, L.; Symonová, R.; Rylková, K.; Ráb, P. Chromosome studies of european cyprinid fishes: cross-species painting reveals natural allotetraploid origin of a *Carassius* female with 206 chromosomes. *Cytogenet. Genome Res.* 2013, 139, 276–283.
- Lamatsch, D.K.; Stöck, M. Sperm-dependent parthenogenesis and hybridogenesis in teleost fishes. In: Schön, I.; Martens, K.; Dijk, P. (Eds): *Lost Sex*. Springer, Netherlands. 2009. pp. 399–432.
- Lambert, M.R.; Skelly, D.K.; Ezaz, T. Sex-linked markers in the North American green frog (*Rana clamitans*) developed using DArTseq provide early insight into sex chromosome evolution. *BMC Genomics* 2016, 17, 844.
- Laurent, S.; Salamin, N.; Robinson-Rechavi, M. No evidence for the radiation time lag model after whole genome duplications in Teleostei. *PLoS One* 2017, 12, 1–14.
- Li, S.; Ajimura, M.; Chen, Z.; Liu, J.; Chen, E.; Guo, H, et al. A new approach for comprehensively describing heterogametic sex chromosomes. *DNA Res.* 2018, 25, 375–382.
- Liu, H.; Pang, M.; Yu, X.; Zhou, Y.; Tong, J.; Fu, B. Sex-specific markers developed by next-generation sequencing confirmed an XX/XY sex determination system in bighead carp (*Hypophthalmichthys nobilis*) and silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*). *DNA Res.* 2018, 25, 257–264

- Lukhtanov, V.A.; Dincă, V.; Friberg, M.; Šíchová, J.; Olofsson, M.; Vila, R., et al. Versatility of multivalent orientation, inverted meiosis, and rescued fitness in holocentric chromosomal hybrids. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2018, 201802610.
- Mable, B.K.; Alexandrou, M.A.; Taylor, M.I. Genome duplication in amphibians and fish: an extended synthesis. *J. Zool.* 2011, 284, 151–182.
- Machado, M.A.; Cardoso, A.L.; Milhomem-Paixão, S.S.R.; Pieczarka, J.C.; Nagamachi, C.Y. *Gymnotus coatesi* (Gymnotiformes): a case of colocation of multiple sites of 18S rDNA with telomeric sequences. *Zebrafish* 2017, 14, 459–463.
- Machado, T.C.; Pansonato-Alves, J.C.; Pucci, M.B.; Nogaroto, V.; Almeida, M.C.; Oliveira, C., et al. Chromosomal painting and ZW sex chromosomes differentiation in *Characidium* (Characiformes, Crenuchidae). *BMC Genet.* 2011, 12, 65.
- Majka, J.; Majka, M.; Kwiatek, M.; Wiśniewska, H. Similarities and differences in the nuclear genome organization within Pooideae species revealed by comparative genomic in situ hybridization (GISH). *J. Appl. Genet.* 2016, 58, 151–161.
- Majtánová, Z.; Choleva, L.; Symonová, R.; Ráb, P.; Kotusz, J.; Pekárik L, et al. Asexual reproduction does not apparently increase the rate of chromosomal evolution: karyotype stability in diploid and triploid clonal hybrid fish (*Cobitis*, Cypriniformes, Teleostei). *PLoS One* 2016, 11, 1–18.
- Malabarba, M.C.S.L. Revision of the Neotropical genus *Triportheus* Cope, 1872 (Characiformes: Characidae). *Neotrop. Ichthyol.* 2004, 2, 167–204.
- Mank, J.E.; Avise, J.C. Phylogenetic conservation of chromosome numbers in actinopterygian fishes. *Genetica* 2006, 127, 321–327.
- Mank, J.E., Avise, J.C. Evolutionary diversity and turn-over of sex determination in teleost fishes. *Sex Dev.* 2009, 3, 60–67.
- Mank, J.E.; Promislow, D.E.L.; Avise, J.C. Evolution of alternative sex-determining mechanisms in teleost fishes. *Biol. J. Linn. Soc.* 2006, 87, 83–93.
- Marburger, S.; Alexandrou, M.A.; Taggart, J.B.; Creer, S.; Carvalho, G.; Oliveira, C., et al. Whole genome duplication and transposable element proliferation drive genome expansion in Corydoradinae catfishes. *Proc. R. Soc. B. Biol. Sci.* 2018, 285, 20172732.
- Marques, D.F.; Santos, F.A.; da Silva, S.S.; Sampaio, I.; Rodrigues, L.R.R. Cytogenetic and DNA barcoding reveals high divergence within the trahira, *Hoplias malabaricus* (Characiformes: Erythrinidae) from the lower Amazon River. *Neotrop. Ichthyol.* 2013, 11, 459–466.
- Mariguela, T.C.; Roxo, F.F.; Foresti, F.; Oliveira, C. Phylogeny and biogeography of Triportheidae (Teleostei: Characiformes) based on molecular data. *Mol. Phylogenet. Evol.* 2016, 96, 130–139.
- Mariotti, B.; Manzano, S.; Kejnovský, E.; Vyskot, B.; Jamilena, M. Accumulation of Y-specific satellite DNAs during the evolution of *Rumex acetosa* sex chromosomes. *Mol. Genet. Genomics* 2009, 281, 249–259.
- Marková, M.; Vyskot, B. New horizons of genomic in situ hybridization. *Cytogenet. Genome Res.* 2010, 126, 368–375.
- Mazzuchelli, J.; Kocher, T.; Yang, F.; Martins, C. Integrating cytogenetics and genomics in comparative evolutionary studies of cichlid fish. *BMC Genomics* 2012, 13, 463.
- Miura, I. Sex determination and sex chromosomes in Amphibia. *Sex Dev.* 2018, 11, 298–306.
- Molina, W.F.; Martinez, P.A.; Bertollo, L.A.C.; Bidau, C.J. Evidence for meiotic drive as an explanation for karyotype changes in fishes. *Mar. Genomics* 2014, 15, 29–34.
- Montiel, E.E.; Badenhorst, D.; Tamplin, J.; Burke, R.L.; Valenzuela, N. Discovery of the youngest sex chromosomes reveals first case of convergent co-option of ancestral autosomes in turtles. *Chromosoma* 2017, 126, 105–113.

- Muyle, A.; Shearn, R.; Marais, G.A.B. The evolution of sex chromosomes and Dosage compensation in plants. *Genome Biol. Evol.* 2017, 9, 627–645.
- Nanda, I.; Schories, S.; Tripathi, N.; Dreyer, C.; Haaf, T.; Schmid, M., et al. Sex chromosome polymorphism in guppies. *Chromosoma* 2014, 123, 373–383.
- Nascimento, V.D.; Coelho, K.A.; Nogaroto, V.; de Almeida, R.B.; Ziemniczak, K.; Centofante, L., et al. Do multiple karyomorphs and population genetics of freshwater darter characines (*Apareiodon affinis*) indicate chromosomal speciation? *Zool. Anz.* 2018, 272, 93–103.
- Nelson, J.S.; Grande, T.C.; Wilson, M.V.H. *Fishes of the World*. 5th ed. John Wiley & Sons, Hoboken, NJ. 2016. 707 pp.
- Nguyen, P.; Sýkorová, M.; Šíchová, J.; Kůta, V.; Dalíková, M.; Čapková Frydrychová, R., et al. Neo-sex chromosomes and adaptive potential in tortricid pests. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013, 110, 6931–6936.
- Noronha, R.C.R.; Nagamachi, C.Y.; O'Brien, P.C.M.; Ferguson-Smith M a., Pieczarka J.C. Neo-XY body: An analysis of XY₁Y₂ meiotic behavior in *Carollia* (Chiroptera, Phyllostomidae) by chromosome painting. *Cytogenet. Genome Res.* 2009, 124, 37–43.
- O'Connor, R.E.; Fonseka, G.; Frodsham, R.; Archibald, A. L.; Lawrie, M.; Walling, G.A.; et al. Isolation of subtelomeric sequences of porcine chromosomes for translocation screening reveals errors in the pig genome assembly. *Anim. Genet.* 2017, 48, 395–403.
- Oliveira, C.; Foresti, F.; Hilsdorf, A.W.S. Genetics of neotropical fish: from chromosomes to populations. *Fish. Physiol. Biochem.* 2009, 35, 81–100.
- Ota, K.; Tateno, Y.; Gojobori, T. Highly differentiated and conserved sex chromosome in fish species (*Aulopus japonicus*: Teleostei, Aulopidae). *Gene* 2003, 317, 187–193.
- Palacios-Gimenez, O.M.; Dias, G.B.; de Lima, L.G.; Kuhn, G.C.E.S.; Ramos, É.; Martins, C.; Cabral-de-Mello, D.C. High-throughput analysis of the satellitome revealed enormous diversity of satellite DNAs in the neo-Y chromosome of the cricket *Eneoptera surinamensis*. *Sci Rep.* 2017, 7, 6422.
- Parise-Maltempi, P.P.; Martins, C.; Oliveira, C.; Foresti, F. Identification of a new repetitive element in the sex chromosomes of *Leporinus elongatus* (Teleostei: Characiformes: Anostomidae): new insights into the sex chromosomes of *Leporinus*. *Cytogenet. Genome Res.* 2007, 116, 218–223.
- Pasquier, L.; Fradin, M.; Chérot, E.; Martin-Coignard, D.; Colin, E.; Journal, H., et al. Karyotype is not dead (yet)! *Eur. J. Med. Genet.* 2016, 59, 11–15.
- Pennell, M.W.; Kirkpatrick, M.; Otto, S.P.; Vamosi, J.C.; Peichel, C.L.; Valenzuela, N., et al. Y fuse? Sex chromosome fusions in fishes and reptiles. *PLoS Genet.* 2015, 11, 1–17.
- Pereira, C.S.A.; Aboim, M.A.; Ráb, P.; Collares-Pereira, M.J. Introgressive hybridization as a promoter of genome reshuffling in natural homoploid fish hybrids (Cyprinidae, Leuciscinae). *Heredity* 2014, 112, 343–50.
- Pereira, L.H.G.; Hanner, R.; Foresti, F.; Oliveira, C. Can DNA barcoding accurately discriminate megadiverse Neotropical freshwater fish fauna? *BMC Genet.* 2013, 14, 20.
- Pokorná, M.; Altmanová, M.; Kratochvíl, L. Multiple sex chromosomes in the light of female meiotic drive in amniote vertebrates. *Chromosome Res.* 2014, 22, 35–44.
- Portela-Bens, S.; Merlo, M.A.; Rodríguez, M.E.; Cross, I.; Machado, M.; Kosyakova, N., et al. Integrated gene mapping and synteny studies give insights into the evolution of a sex protochromosome in *Solea senegalensis*. *Chromosoma* 2017, 126, 261–277.

- Porto-Foresti, F.; Oliveira, C.; Gomes, E.A.; Tabata, Y.A.; Rigolino, M.G.; Foresti, F. A lethal effect associated with polymorphism of the NOR-bearing chromosomes in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Genet. Mol. Biol.* 2004, 27, 51–54.
- Prizon, A.C.; Bruschi, D.P.; Borin-Carvalho, L.A.; Cius, A.; Barbosa, L.M.; Ruiz, H.B., et al. Hidden diversity in the populations of the armored catfish *Ancistrus* Kner, 1854 (Loricariidae, Hypostominae) from the Paraná river basin revealed by molecular and cytogenetic data. *Front. Genet.* 2017, 8, 185.
- Purcell, C.M.; Seetharam, A.S.; Snodgrass, O.; Ortega-García, S.; Hyde, J.R.; Severin A.J. Insights into teleost sex determination from the *Seriola dorsalis* genome assembly. *BMC Genomics* 2018, 19, 1–11.
- Qvarnström, A.; Bailey, R.I. Speciation through evolution of sex-linked genes. *Heredity* 2009, 102, 4–15.
- Ráb, P.; Rábová, M.; Bohlen, J.; Lusk, S. Genetic differentiation of the two hybrid diploid–polyploid complexes of loaches, genus *Cobitis* (Cobitidae) involving *C. taenia*, *C. elongatoides* and *C. sp.* in the Czech Republic: karyotypes and cytogenetic diversity. *Folia Zool.* 2000, 49 Suppl. 1, 55–66.
- Ráb, P.; Slavík, O. Diploid-triploid-tetraploid complex of the spined loach, genus *Cobitis* in Psovka Creek: the first evidence of the new species of *Cobitis* in the ichthyofauna of the Czech Republic. *Acta Univ. Carol. Biol.* 1996, 39, 201–214.
- Ramirez, J.L.; Birindelli, J.L.; Carvalho, D.C.; Affonso, P.R.A.M.; Venere, P.C.; Ortega, H.; et al. Revealing hidden diversity of the underestimated neotropical ichthyofauna: DNA barcoding in the recently described genus *Megaleporinus* (Characiformes: Anostomidae). *Front. Genet.* 2017, 8, 149.
- Rábová, M.; Völker, M.; Pelikánová, Š.; Ráb, P. Sequential chromosome banding in fishes. In: Ozouf-Costaz, C.; Pisano, E.; Foresti, F.; Almeida Toledo, L.F. (Eds). *Fish Cytogenetic Techniques (Chondrichthyans and Teleosts)*. CRC Press, Inc., Enfield, USA. 2015. pp. 92–102.
- Ravi, V.; Venkatesh, B. Rapidly evolving fish genomes and teleost diversity. *Curr. Opin. Genet. Dev.* 2008, 18, 544–550.
- Reed, K.M.; Phillips, R.B. Polymorphism of the nucleolar organizer region (NOR) on the putative sex chromosomes of Arctic char (*Salvelinus alpinus*) is not sex related. *Chromosome Res.* 1997, 5, 221–227.
- Reichwald, K.; Petzold, A.; Koch, P.; Downie, B.R.; Hartmann, N.; Pietsch, S.; et al. Insights into sex chromosome evolution and aging from the enome of a short-lived fish. *Cell* 2015, 163, 1527–1538.
- Reis, R.E.; Albert, J.S.; Di Dario, F.; Mincarone, M.M.; Petry, P.; Rocha, L.A. Fish biodiversity and conservation in South America. *J. Fish Biol.* 2016, 89, 12–47.
- Rios, F.S.; Kalinin, A.L.; Rantin, F.T. The effects of long-term food deprivation on respiration and hematology of the neotropical fish *Hoplias malabaricus*. *J. Fish. Biol.* 2002, 61, 85–95.
- Salvadori, S.; Deiana, A.M.; Deidda, F.; Lobina, C.; Mulas, A.; Coluccia, E. XX/XY sex chromosome system and chromosome markers in the snake eel *Ophisurus serpens* (Anguilliformes: Ophichthidae). *Mar. Biol. Res.* 2018, 14, 158–164.
- Schultz, R.J. Hybridization, unisexuality, and polyploidy in the teleost *Poeciliopsis* (Poeciliidae) and other vertebrates. *Am. Nat.* 1969, 103, 606–619.
- Sakai, C.; Konno, F.; Nakano, O.; Iwai, T.; Yokota, T.; Lee, J.; Nishida-Umehara, C., et al. Chromosome elimination in the interspecific hybrid medaka between *Oryzias latipes* and *O. hubbsi*. *Chromosome Res.* 2007, 15, 697–709.

- Sember, A.; Bertollo, L.A.C.; Ráb, P.; Yano, C.F.; Hatanaka, T.; de Oliveira E.A., et al. Sex chromosome evolution and genomic divergence in the fish *Hoplias malabaricus* (Characiformes, Erythrinidae). *Front. Genet.* 2018a, 9, 71.
- Sember, A.; Bohlen, J.; Šlechtová, V.; Altmanová, M.; Pelikánová, Š.; Ráb, P. Dynamics of tandemly repeated DNA sequences during evolution of diploid and tetraploid botiid loaches (Teleostei: Cobitoidea: Botiidae). *PLoS One* 2018b, 13, e0195054
- Sember, A.; Bohlen, J.; Šlechtová, V.; Altmanová, M.; Symonová, R.; Ráb, P. Karyotype differentiation in 19 species of river loach fishes (Nemacheilidae, Teleostei): extensive variability associated with rDNA and heterochromatin distribution and its phylogenetic and ecological interpretation. *BMC Evol. Biol.* 2015, 15, 251.
- Schartl, M.; Schmid, M.; Nanda, I. Dynamics of vertebrate sex chromosome evolution: from equal size to giants and dwarfs. *Chromosoma* 2016, 125, 553–571.
- Schmidt, D.J.; Bond, N.R.; Adams, M.; Hughes, J.M. Cytonuclear evidence for hybridogenetic reproduction in natural populations of the Australian carp gudgeon (*Hypseleotris: Eleotridae*). *Mol. Ecol.* 2011, 20, 3367–80.
- Slijepčević, P. Telomeres and mechanisms of Robertsonian fusion. *Chromosoma* 1998, 107, 136–140.
- Smith, D.A.S.; Gordon, I.J.; Traut, W.; Herren, J.; Collins, S.; Martins, D.J., et al. A neo-W chromosome in a tropical butterfly links colour pattern, male-killing, and speciation. *Proc. R. Soc. B. Biol. Sci.* 2016, 283, 20160821.
- Sochorová, J.; Garcia, S.; Gálvez, F.; Symonová, R.; Kovařík, A. Evolutionary trends in animal ribosomal DNA loci: introduction to a new online database. *Chromosoma* 2018, 127, 141–150.
- Sotero-Caio, C.G.; Volleth, M.; Hoffmann, F.G.; Scott, L.A.; Wichman, H.A.; Yang, F., et al. Integration of molecular cytogenetics, dated molecular phylogeny, and model-based predictions to understand the extreme chromosome reorganization in the Neotropical genus *Tonatia* (Chiroptera: Phyllostomidae). *BMC Evol. Biol.* 2015, 15, 220.
- Soto, M.Á.; Castro, J.P.; Walker, L.I.; Malabarba, L.R.; Santos, M.H.; de Almeida, M.C., et al. Evolution of trans-Andean endemic fishes of the genus *Cheirodon* (Teleostei: Characidae) are associated with chromosomal rearrangements. *Rev. Chil. Hist. Nat.* 2018, 1–8.
- Stimpson, K.M.; Sullivan, L.L.; Kuo, M.E.; Sullivan, B.A. Nucleolar organization, ribosomal DNA array stability, and acrocentric chromosome integrity are linked to telomere function. *PLoS One* 2014, 9, e92432.
- Symonová, R.; Howell, W. Vertebrate genome evolution in the light of fish cytogenomics and rDNAomics. *Genes* 2018, 9, 96.
- Symonová, R.; Majtánová, Z.; Sember, A.; Staaks, G.B.O.; Bohlen, J.; Freyhof, J., et al. Genome differentiation in a species pair of coregonine fishes: an extremely rapid speciation driven by stress-activated retrotransposons mediating extensive ribosomal DNA multiplications. *BMC Evol. Biol.* 2013, 13, 42.
- Symonová, R.; Ocalewicz, K.; Kirtiklis, L.; Delmastro, G.B.; Pelikánová, Š.; Garcia, S., et al. Higher-order organisation of extremely amplified, potentially functional and massively methylated 5S rDNA in European pikes (*Esox* sp.). *BMC Genomics* 2017, 18, 391.
- Symonová, R.; Sember, A.; Majtánová, Z.; Ráb, P. Characterization of fish genomes by GISH and CGH. In: Ozouf-Costaz, C.; Pisano, E.; Foresti, F.; Almeida Toledo, L.F. (Eds). *Fish Cytogenetic Techniques (Chondrichthyans and Teleosts)*. CRC Press, Inc., Enfield, USA. 2015. pp. 118-131.

- Šlechtová, V.; Bohlen, J.; Freyhof, J.; Ráb, P. Molecular phylogeny of the Southeast Asian freshwater fish family Botiidae (Teleostei: Cobitoidea) and the origin of polyploidy in their evolution. *Mol. Phylogenet. Evol.* 2006, 39, 529–541.
- Takehana, Y.; Naruse, K.; Hamaguchi, S.; Sakaizumi, M. Evolution of ZZ/ZW and XX/XY sex-determination systems in the closely related medaka species, *Oryzias hubbsi* and *O. dancena*. *Chromosoma* 2007, 116, 463–470.
- Tomaszkiewicz, M.; Medvedev, P.; Makova, K.D. Y and W chromosome assemblies: approaches and discoveries. *Trends Genet.* 2017, 33, 266–282.
- Traut, W.; Sahara, K.; Otto, T.D.; Marec, F. Molecular differentiation of sex chromosomes probed by comparative genomic hybridization. *Chromosoma* 1999, 108, 173–180.
- Traut, W.; Vogel, H.; Glöckner, G.; Hartmann, E.; Heckel, D.G. High-throughput sequencing of a single chromosome: a moth W chromosome. *Chromosome Res.* 2013, 21, 491–505.
- Traut, W.; Winking, H. Meiotic chromosomes and stages of sex chromosome evolution in fish: zebrafish, platyfish and guppy. *Chromosome Res.* 2001, 9, 659–672.
- Traldi, J.B.; Vicari, M.R.; Martinez, J.F.; Blanco, D.R.; Lui, R.L.; Moreira-Filho, O. Chromosome analyses of *Apareiodon argenteus* and *Apareiodon davisii* (Characiformes, Parodontidae): an extensive chromosomal polymorphism of 45S and 5S ribosomal DNAs. *Zebrafish* 2016, 13, 19–25.
- Tsekrekou, M.; Stratigi, K.; Chatzinikolaou, G. The nucleolus: in genome maintenance and repair. *Int. J. Mol. Sci.* 2017, 18, 1411.
- Tunner, H.G.; Heppich-Tunner, S. Genom exclusion and two strategies of chromosome duplication in oogenesis of a hybrid frog. *Naturwissenschaften* 1991, 78, 32–4.
- Utsunomia, R.; Pansonato-Alves, J.C.; Paiva, L.R.S.; Costa Silva, G.J.; Oliveira, C.; Bertollo, L.A.C.; et al. Genetic differentiation among distinct karyomorphs of the wolf fish *Hoplias malabaricus* species complex (Characiformes, Erythrinidae) and report of unusual hybridization with natural triploidy. *J. Fish Biol.* 2014, 85, 1682–1692.
- Valente, G.; Kocher, T.; Eickbush, T.; Simanões, R.P.; Martins, C. Integrated cytogenetics and genomics analysis of transposable elements in the Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*. *Mol. Genet. Genomics* 2016, 291, 1219–1225.
- Valente, T.G.; Schneider, C.H.; Gross, M.C.; Feldberg, E.; Martins, C. Comparative cytogenetics of cichlid fishes through genomic in-situ hybridization (GISH) with emphasis on *Oreochromis niloticus*. *Chromosome Res.* 2009, 17, 791–799.
- Vicente, V.E.; Bertollo, L.A.C.; Valentini, S.R.; Moreira-Filho, O. Origin and differentiation of sex chromosome system in *Parodon hilarii* (Pisces, Parodontidae). Satellite DNA, G and C-banding. *Genetica* 2003, 119, 115–120.
- Weeks, A.R.; Marec, F.; Breeuwer, J.A.J. A mite species that consists entirely of haploid females. *Science* 2001, 292, 2479–2482.
- Yano, C.F.; Bertollo, L.A.C.; Ezaz, T.; Trifonov, V.; Sember, A.; Liehr, T., et al. Highly conserved Z and molecularly diverged W chromosomes in the fish genus *Triporthus* (Characiformes, Triporthidae). *Heredity* 2017a;118: 276–283.
- Yano, C.F.; Bertollo, L.A.C.; Liehr, T.; Troy, W.P.; Cioffi, M.B. W Chromosome dynamics in *Triporthus* species (Characiformes, Triporthidae): an ongoing process narrated by repetitive sequences. *J. Hered.* 2016, 107, 342–348.
- Yano, C.F.; Bertollo, L.A.C.; Rebordinos, L.; Merlo, M.A.; Liehr, T.; Portela-Bens S. Evolutionary dynamics of rDNAs and U2 small nuclear DNAs in *Triporthus* (Characiformes, Triporthidae): high variability and particular syntenic organization. *Zebrafish* 2017b, 14, 146–154.

- Yasukochi, Y.; Miura, N.; Nakano, R.; Sahara, K.; Ishikawa, Y. Sex-linked pheromone receptor genes of the European corn borer, *Ostrinia nubilalis*, are in tandem arrays. *PLoS One* 2011, 6, 1–10.
- Zhan, S.H.; Glick, L.; Tsigenopoulos, C.S.; Otto, S.P.; Mayrose, I. Comparative analysis reveals that polyploidy does not decelerate diversification in fish. *J. Evol. Biol.* 2014, 27, 391–403.
- Zhang, A.; Huang, R.; Chen, L.; Xiong, L.; He, L.; Li, Y., et al. Computational identification of Y-linked markers and genes in the grass carp genome by using a pool-and-sequence method. *Sci. Rep.* 2017, 7, 1–12.
- Zhang, C.; Ye, L.; Chen, Y.; Xiao, J.; Wu, Y.; Tao, M., et al. The chromosomal constitution of fish hybrid lineage revealed by 5S rDNA FISH. *BMC Genet.* 2015, 16, 140.
- Zhang, L.; Bao, Z.; Wang, S.; Huang, X.; Hu, J. Chromosome rearrangements in Pectinidae (Bivalvia: Pteriomorpha) implied based on chromosomal localization of histone H3 gene in four scallops. *Genetica* 2007, 130, 193–198.
- Zhdanova, N.S.; Minina, J.M.; Karamisheva, T.V.; Draskovic, I.; Rubtsov, N.B.; Londoño-Vallejo, J.A. The very long telomeres in *Sorex granarius* (Soricidae, Eulipothyphla) contain ribosomal DNA. *Chromosome Res.* 2007, 15, 881–890.
- Zhu, H.P.; Ma, D.M.; Gui, J.F. Triploid origin of the gibel carp as revealed by 5S rDNA localization and chromosome painting. *Chromosome Res.* 2006, 14, 767–776.
- Zrzavá, M.; Hladová, I.; Dalíková, M.; Šichová, J.; Ůnap, E.; Kubíčková, S., et al. Sex chromosomes of the iconic moth *Abraxas grossulariata* (Lepidoptera, Geometridae) and its congener *A. sylvata*. *Genes* 2018, 9, 279.
- Zwick, M.S.; Hanson, R.E.; Islam-Faridi, M.N.; Stelly, D.M.; Wing, R.A.; Price, H.J.; et al. A rapid procedure for the isolation of C0t-1 DNA from plants. *Genome* 1997, 40, 138–142.



Mgr. Alexandr Sember, Ph.D. (e-mail: semer@iapg.cas.cz) je absolventem oboru Molekulární a buněčná biologie, genetika a virologie na Katedře genetiky a mikrobiologie Univerzity Karlovy. Svou doktorskou dizertační práci „Cytogenetika vybraných skupin paprskoploutvých ryb (Actinopterygii): Evolučně-ekologické aspekty spjaté s dynamikou repetitivních sekvencí a s výskytem polyploidie“ vypracoval pod vedením prof. Ing. Petra Rába, DrSc. na Ústavu živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i. a úspěšně ji obhájil dne 30.6. 2016. Následně (září 2016 – duben 2017) strávil postdoktorskou stáž ve Federal University of São Carlos (UFSCar), Brazílie, v laboratoři prof. L. A. C. Bertolla, pod vedením prof. M.B. Cioffiho.

Perličky ze školních lavic
(z písemných zkoušek z genetiky, PŘF UK, Praha, 2013 – 2015)
doc. RNDr. Dana Holá, Ph.D., Katedra genetiky a mikrobiologie, PŘF UK, Praha

Brennerova definice genu: jeden gen = jeden citron.

Dihybrid vznikne křížením dvou monohybridů.

Repetitivní sekvence jsou větší než unikátní, jsou kruhově organizované ve středu genomu a sekvenují genetickou informaci.

Mezi chemické mutageny patří prenatální konzumace alkoholu.

Princip PCR: polymeráza spustí (aktivuje) začátek, dál to funguje jako domino.



Na kótě 44

Nová třepačka Innova S44i.

Model Innova S44i nabízí nejlepší výsledky ze všech inkubovaných třepaček Eppendorf. Uspokojí všechny, kdo požadují maximální kapacitu na nejmenším půdorysu a k tomu tradiční spolehlivost. Posuňte svoje nároky na produkci bakterií, kvasinek, rostlinných buněk včetně řas a také hub a využijte:

- > Pohon nové generace Eppendorf X-Drive
- > Maximální rychlost třepání i u stohovaných přístrojů
- > Neskutečně velká kapacita všech druhů platform
- > Komfortní práce s Erlen díky nové konstrukci interiéru
- > Dotykový displej a excelentní výstup dat
- > Bohaté příslušenství včetně výkonné fotosyntetické lampy



www.eppendorf.com/InnovaS44i



MagNA Pure

MagNA Pure 24 System

The key to confidence

For years, molecular testing laboratories have trusted the MagNA Pure family to dramatically reduce handling errors with reliable and simplified sample preparation. The MagNA Pure 24 System builds on that legacy and adds to Roche's robust portfolio of instruments and reagents to help meet all your nucleic acid isolation needs.

Designed with you in mind.

The MagNA Pure 24 System is a fully-automated IVD nucleic acid extraction instrument that brings you walkaway automation, which minimizes user intervention and extraction-to-extraction variability.

Features include mixed-sample batching for multiple downstream applications, plus;

- Scalable extraction of 1-24 samples with primary sample handling in 70 minutes
- A single universal reagent kit covering 10 prevalidated human samples types, with volume inputs ranging 200 μ L to 4 mL
- Inventory and sample tracking via barcoded surveillance
- True walkaway automation



▶ Start here.

Go anywhere with the MagNA Pure 24 System. Learn more about it at magnapure24.com.

Start here. Go Anywhere. ▶

All MagNA Pure 24 Kits, Consumables, and Accessories are for *in vitro* diagnostic use unless otherwise noted.

MAGNA PURE is a registered trademark of Roche.

All other product names and trademarks are the property of their respective owners.

© 2017 Roche Molecular Systems, Inc. All rights reserved.

Published by
Roche Molecular Systems, Inc
4300 Hacienda Drive
Pleasanton, CA 94588 USA
PP-GBL-00046