

## Abstrakt

Řasy tvoří rozmanitou skupinu jednoduchých fotosyntetizujících eukaryotických organismů s polyfyletickým původem. Dělí se na řasy s primárním plastidem (Archaeplastida), který tato eukaryota získala pozřením sinice, tedy prokaryota, a řasy s komplexním plastidem, které získaly plastid pozřením jiného eukaryota s primárním nebo již komplexním plastidem. Řasy s komplexním plastidem jsou chiméry obsahující geny pocházející z hostitelské buňky, a dále geny pocházející nejen z plastidu, ale také z jádra a někdy i mitochondrie endosymbionta, případně i genetický materiál pocházející od jejich předchůzcích stálých nebo přechodných endosymbiontů. Jednou ze skupin, která získala plastid od zelených řas, jsou krásnoočka (Euglenophyta). Tato práce se zabývá genomy tří organismů, které zastupují jednotlivé aktéry endosymbiotického procesu u euglenofyt. Jsou to původně heterotrofní hostitel ze třídy Euglenida, fototrofní endosymbiont ze třídy zelených řas Prasinophyceae a výsledný fototrofní euglenid ze skupiny Euglenophyceae. Znalost jejich genomů by měla pomoci osvětlit průběh endosymbiotického přenosu genů (EGT) při formování řas s komplexním plastidem.

U zástupce fototrofních euglenidů *Eutreptiella gymnastica* jsme anotovali plastidový genom, který jsme publikovali jako tehdy teprve třetí ve skupině Euglenophyta, po ikonickém a ekonomicky významném druhu *Euglena gracilis* a jeho druhotně nefotosyntetickém protějšku *E. longa*. Ukázali jsme, že obsah genů v plastidových genomech všech euglenofyt je prakticky stejný a že k redukci genomového obsahu o cca 20 % došlo už u jejich společného předka. Dále jsme zjistili, že v plastomu euglenofyta *Etl. gymnastica*, poměrně vzdáleného *E. gracilis*, je velmi málo intronů a tedy že extrémně vysoký počet intronů v plastomu *E. gracilis* není společným znakem celé skupiny, ale znakem druhově specifickým. V neposlední řadě jsme potvrdili, že zelená řasa *Pyramimonas parkeae* je potomkem řasy příbuzné s původním endosymbiontem euglenofyt. U této řasy již byl znám plastidový genom a my jsme jej doplnili o genom mitochondriální, který má stejně jako většina prasinofytních řas poměrně vysoký obsah genů. Přesto zřejmě žádný z nich současná euglenofyta neobsahují a celý tento genomový pool byl při endosymbióze ztracen. Posledním zkoumaným organismem je heterotrofní (osmotrofní) euglenid *Rhabdomonas costata*, jehož částečný jaderný genom a téměř úplný transkriptom jsme porovnávali s dostupným genomem, transkriptomem a mitochondriálním proteomem *E. gracilis*. V jaderném genomu *R. costata* jsme našli nekonvenční introny typické pro Euglenida. V jeho transkriptomu je velmi nízký podíl genů příbuzných genomů fotosyntetizujících organismů a zároveň chybí některé geny, které *E. gracilis* získala prostřednictvím EGT, což vyvrací hypotézu časného získání plastidu u kmene Euglenozoa.

Jednotlivá zjištění nepochybně přispěla k pochopení evoluce třídy Euglenida a do budoucna shromážděná data ještě jistě poslouží v dalších navazujících studiích.