

Abstrakt

Mikrosatelity jsou populárními markery v molekulární ekologii od 90. let 20. století. Tradičně užívané skórování mikrosatelitů pomocí kapilární elektroforézy s sebou však nese řadu technických problémů. Tyto problémy nevyvstávají v případě genotypování mikrosatelitů sekvenováním (genotyping-by-sequencing, GBS), které umožňuje přístup přímo k variabilitě v rámci sekvence mikrosatelitu. Genotypování mikrosatelitů sekvenováním se obvykle provádí s desítkami markerů. Postup popsáný v této práci zahrnuje izolaci mikrosatelitů z dat získaných shotgun sekvenováním a následné multiplexování a filtrování multiplexovaných markerů pomocí *in silico* PCR simulace. Postup zde aplikovaný na kukaččí včely (rod *Nomada*) a jejich hostitele (rod *Andrena*) umožňuje získat stovky párů primerů pro následnou laboratorní optimalizaci. Práce zároveň aplikuje obdobný postup na mikrosatelity přítomné v ultrakonzervovaných elementech (UCE) u rodu *Nomada*. Mikrosatelity získané z UCE byly vybrány tak, aby byly přítomny ve variabilní podobě u různých podrodů s cílem vytvořit multiplex konzervovaných primerů schopných amplifikovat polymorfní lokusy u většiny druhů rodu *Nomada*. Primery vytvořené v této práci budou využity pro první semi-genomické populační analýzy kukaččích včel a jejich hostitelů. Ty mohou následně sloužit k otestování hypotézy užitečnosti kukaččích včel coby indikátorů stavu včelích společenstev.

Klíčová slova

Nomada, *Andrena*, mikrosatelity, vývoj markerů, SSR-GBS, populační genetika, hnízdní paraziti