

Abstrakt

V posledních desetiletích, byla u morfologicky vymezených druhů rozsivek objevena značná druhová diverzita, a to zejména pomocí molekulárních metod. Taxonomie rozsivek vyžaduje revizi a molekulární data při ní sehrají důležitou úlohu. Relativně levný a rychlý způsob, jak začlenit molekulární data do výzkumu rozsivek, představuje DNA-barcoding. Klíčovým krokem, který určuje využitelnost této metodiky, je výběr vhodného markeru. Vybrané markery jsme proto otestovali na modelovém rodu *Frustulia*. Získaná data podpořila vymezení dvou nových druhů, které jsme v samostatné studii popsali jako *Frustulia curvata* a *Frustulia paulii*. Nejvhodnějšími markery pro identifikaci druhů byl úsek velké ribosomální podjednotky (28S) a úsek genu, který kóduje enzym RUBISCO. Ve studii jsme ale objevili případ, kdy se tyto markery neshodovaly. Neshody mezi genovými stromy komplikují vymezení druhů na základě jediného molekulárního markeru. Pokud budeme používat barcode složený ze dvou markerů, sníží se riziko chybného vymezení druhů a neshody upozorní na případy, které zasluhují další studium. Vhodnější přístup k vymezení druhů na základě molekulárních dat nicméně představují algoritmy, které jsme využili k vymezení druhů v komplexu *Eunotia bilunaris-flexuosa*. Tyto algoritmy využívají více lokusů a vycházejí ze znalosti molekulární evoluce.

Řada studií prokázala, že se nově objevené kryptické druhy mohou lišit ekologicky. Ekologii rozsivek je proto nutné přezkoumat v kontextu nově objevené druhové diverzity. Dvě z mých studií reprezentují dva odlišné přístupy, které mohou přispět k pochopení ekologie rozsivek. První kombinuje alfa taxonomii podpořenou molekulárními daty s automatizovanou identifikací schránek z trvalých preparátů vytvořených z přírodních populací. Tento přístup jsme použili k prozkoumání diverzity druhů rodu *Frustulia* v severní Evropě. Výsledky odhalily pozitivní vztah mezi abundancí, šíří niky realizované na gradientu pH, a s rozsahem geografického rozšíření jednotlivých druhů. Pro pochopení fungování tohoto vztahu je však potřeba použít jiný přístup - experiment v kontrolovaných laboratorních podmínkách. Příklad tohoto přístupu představuje studie, ve které jsme pomocí kultivace v gradientu hodnot pH popsali fundamentální niku 15 blízce příbuzných druhů z komplexu *Eunotia bilunaris-flexuosa*. Získané hodnoty jsme porovnali s realizovanou nikou (tj. s pH zdrojových lokalit). Růstové parametry jednotlivých druhů se prokazatelně lišily a korelovaly s výskytem druhů v přírodě. Výsledky obou studií potvrdily, že druhy se stejnou nebo velmi podobnou morfologií mohou mít odlišné ekologické nároky. Přesná identifikace druhů je tedy nezbytnou podmínkou pro pochopení biologie rozsivek i pro jejich efektivní využití v aplikovaných vědách.