

ABSTRAKT (in Czech)

Raci tvoří již po staletí nedílnou součást evropské fauny. V minulosti byli v přírodě loveni a využíváni na konzumaci. V posledních letech však po celém světě dochází stále častěji k invazím živočišných i rostlinných druhů. Následky těchto invazí zasáhly také původní evropské raky, jejichž populace byly z velké části zdecimovány původcem račího moru (oomycetou *Aphanomyces astaci*, Saprolegniales). Ve snaze nahradit tyto ztracené populace bylo od roku 1890 do Evropy dovezeno několik severoamerických raků, kteří v Evropě dobře prosperují, pro původní druhy ale představují vážné nebezpečí - jsou přenašeči patogenu račího moru a v případě kontaktu s původními druhy je mohou dále infikovat.

Ve své diplomové práci jsem se zaměřila na jeden z těchto invazních druhů, raka pruhovaného (*O. limosus*). Na základě dostupných literárních dat byl *O. limosus* do Evropy úspěšně introdukovan pouze jednou, všichni evropští raci pruhovaní by tedy měli být potomky těchto dovezených jedinců, zcela není ale vyloučena ani možnost dalších, v literatuře nezaznamenaných pokusů o introdukci tohoto raka do Evropy. S cílem zjistit, odkud mohla pocházet zdrojová populace evropských jedinců tohoto druhu jsem sekvenovala mitochondriální gen pro podjednotku I cytochrom c oxidázy (COI) raků pruhovaných z Evropy a Severní Ameriky. Počet haplotypů nalezených v evropských populacích byl výrazně nižší než v Severní Americe, což ukazuje, že v minulosti došlo zřejmě k jediné introdukci tohoto druhu do Evropy. Haplotyp, který byl dominantní v Evropě, se dále vyskytoval také v severní části amerického areálu (severní Pensylvánie, Maine), v populacích z jižní Pensylvánie byl dominantní odlišný haplotyp. Je tedy pravděpodobné, že evropští raci pruhovaní pochází spíše ze severní části areálu v USA. Rozdíly ve složení haplotypů v populacích raka *O. limosus* v severní a jižní části jeho amerického areálu souvisí pravděpodobně s jeho nedávnou introdukcí do severní části areálu či s existencí více refugií tohoto druhu během poslední doby ledové.

Dále jsem se zabývala výskytem raka *O. limosus* na území České Republiky a genetickou variabilitou jeho českých populací. Pomocí alozymové elektroforézy jsem analyzovala vybrané populace raka *O. limosus* s cílem zjistit, do jaké míry jsou tyto populace variabilní. Výsledky ukazují, že i přes relativně malý počet zakládajících jedinců, byla během introdukce raka pruhovaného do Evropy zachována dostatečná variabilita na úrovni alozymů. Nebyl zjištěn vztah mezi genetickou a geografickou vzdáleností, což napovídá, že se na šíření tohoto druhu podílel člověk a při sekundárních introdukcích docházelo k náhodným posunům ve frekvenci alel.

Součástí práce byla také genetická analýza jedinců jiného severoamerického druhu, raka *Orconectes virilis*, z Velké Británie pomocí sekvenace COI. Na základě porovnání s liniemi tohoto druhového komplexu známými z jeho areálu v Americe se ukázalo, že se jedná o novou linii, odlišnou od těch, které byly dosud detekovány v Severní Americe. Další dosud neznámá linie byla zjištěna i u jedince z lowy (USA).