

Abstrakt

V této dizertační práci jsem se věnovala převážně tématu ochrany vzácných druhů a to ve třech projektech realizovaných ve spolupráci se ZOO Praha. Další dva dílčí projekty, které jsou součástí této dizertační práce, se věnují tématu analýzy genetické diverzity v přírodě a vznikly ve spolupráci s institucemi v Indonésii a Arménii. Všechny tyto projekty jsem řešila pomocí obdobné laboratorní a výpočetní metodiky, ačkoliv každý projekt řešil odlišné problémy. Ve stěžejním, a asi i nejdůležitějším projektu jsem zabývala scinky rodu *Tiliqua* žijícími na Molukách, Nové Guinei (Irian Jaya) a přilehlých ostrovech. Analýzou mitochondriálních a jaderných znaků jsem řešila jejich vzájemné fylogenetické a populační vztahy. Druhá práce byla zaměřená na studium *ex situ* populace *Mauremys annamensis* v Evropských chovech, určovala jsem haplotypovou diverzitu a detekovala F1 hybridy v populaci. Ve třetí práci jsem zkoumala genetickou variabilitu pro potřeby organizace *ex situ* chovů *Orlitia borneensis* u jedinců chovaných v Evropských zoologických zahradách. Čtvrtá práce se zabývala výzkumem genetické variability populace *Chilabothrus angulifer* v Evropských chovech, zabývala se otázkou dlouhodobého přežití této populace. V poslední páté práci jsem za použití genetických metod identifikovala druhy, sekvenční a haplotypovou diverzitu sympatrických druhů z rodu *Apodemus* (*Sylvaemus*) v Arménii.

Ve všech pracích používám hlavně mtDNA, která byla ještě v minulém tisíciletí používána jako univerzální marker. Na použitých příkladech ukazuji, že mtDNA je stále využitelná zpravidla v kombinaci s dalšími znaky (v mém případě sekvencemi vybraných jaderných genů). Ačkoliv jsem použila podobné molekulární a analytické postupy, každá z dílčích studií si vzhledem k odlišné povaze problému a zjištěné genetické variability, vyžádala výrazně odlišnou interpretaci výsledků. Proto je tato práce i příkladem využití rozdílných interpretačních schémat.