

Abstrakt

Paralelní adaptace na podobné tlaky prostředí poskytuje ideální modelový systém pro studium opakovatelnosti evoluce v přírodě. Takovéto přírodní experimenty nám mohou také poskytnout důležité poznatky o genomické podstatě adaptací. Dobře zdokumentované příklady paralelní evoluce jsou však zejména u rostlin vzácné. Má práce dokumentuje paralelní evoluci u tří rostlinných systémů, které se přizpůsobily na jedny z nejnáročnějších selektivních prostředí – vysokohorská stanoviště a toxické hadcové půdy. Dále jsem studovala rozsah paralelismu na fenotypové a genotypové úrovni u *Arabidopsis arenosa* spolu s evolučními zdroji paralelních genetických variant.

Kombinací populačně genetických a experimentálních přístupů jsem ukázala na komplexní souhru adaptivních, historických a ekologických procesů během paralelní evoluce. Izolované ostrovy horských a hadcových stanovišť umožnily jejich nezávislou kolonizaci odlišnými genetickými liniemi *A. arenosa* a *Primula elatior* v jednotlivých regionech. Ukázala jsem také, jakým způsobem se v rámci druhu mění genetická diverzita po kolonizaci nových prostředí. Zjistila jsem například vyšší genetickou diferenciaci mezi (sub)alpskými populacemi než mezi populacemi podhorskými. To naznačuje, že horské hřebeny představují migrační bariéru snižující genový tok mezi (sub)alpskými populacemi. Navíc kolonizace (sub)alpínských nebo hadcových stanovišť nevedla ke ztrátě genetické diverzity, což naznačuje spíše postupnou kolonizaci než silný bottleneck.

S využitím mnoha adaptovaných alpských a hadcových populací *A. arenosa* jsem kvantifikovala rozsah fenotypového paralelismu a zkoumala jeho neutrální a adaptivní determinanty a ukázala jsem na značné rozdíly mezi oběma systémy. Zatímco v alpském systému vykazovala paralelismus pouze podskupina znaků, u hadcových populací *A. arenosa* byl paralelismus všudypřítomný, a to například ve funkčních vlastnostech včetně podobně modifikovaného příjmu iontů odlišujícího hadcové a nehadcové populace.

Dále jsem studovala genetickou podstatu pětinasobné paralelní hadcové adaptace u *A. arenosa*. Zjistila jsem signifikantní paralelismus, jak na genové, tak na funkční úrovni zahrnující např. iontovou homeostázu, transport anorganických aniontů, aktivitu transmembránového transportéru vápníku a reakci na ionty kovů. Dále jsem studovala evoluční zdroje paralelních adaptivních variant. Zjistila jsem, že převládajícím zdrojem paralelních adaptivních variant je jejich sdílení, což je v souladu s vysoce variabilními a nedávno divergovanými tetraploidními populacemi *A. arenosa*. Překvapivým zjištěním bylo objevení paralelních de novo mutací v konzervovaném místě genu *TPCI* u dvou nezávislých hadcových populací. Takové zjištění ukazuje, že rychlá selekce nových alel je stále možná i u autopolyploidů, což může odrážet jejich velkou genetickou variabilitu a zvýšenou míru výhodných alel v organismech se zdvojenými genomy.

Závěrem, doložené příklady spolu s novými systémy paralelní evoluce nám poskytují důležité poznatky o evolučních adaptačních mechanismech. Dalším krokem bude dekonstrukce procesu adaptace a nalezení klíčového spojení mezi fenotypovým efektem lokusu a jeho adaptivní hodnotou v náročných prostředích. Díky hlubšímu pochopením genetické architektury opakovaných adaptací k tomu nebudeme mít daleko.