

Abstrakt:

V západní Palearktidě se vyskytují tři druhy rodu *Hypsugo*. Druh *Hypsugo arabicus* se podle dostupných zdrojů vyskytuje pouze ve dvou oblastech, na jihu Íránu (provincie Sístán a Balúčistán) a na severovýchodě Ománu. Areál *Hypsugo ariel* lemuje západ Arabského poloostrova a lze ho také nalézt v Egyptě a Súdánu. Poslední druh, *Hypsugo savii* můžeme nalézt v širokém spektru oblastí od Kanárských ostrovů přes západní, střední a jižní Evropu, Balkán až po Blízký východ a Střední Asii. Vnitrodruhové a mezidruhové vztahy těchto tří druhů nebyly dosud v dostatečné míře zkoumány. Na základě dat získaných sekvencí mitochondriálních a jaderných markerů byla provedena fylogenetická analýza, která doplňuje informace o vnitrodruhových a mezidruhových vztazích populací tohoto rodu v západní Palearktidě. Pro molekulární analýzu byly použity dva mitochondriální markery (Cyt-*b* a D-loop) a čtyři jaderné markery (Rag2 a introny ACOX, COPS, STAT). Následně byly ve fylogenetické analýze použity metody Bayesovské analýzy a metoda Maximum likelihood pro vytvoření fylogenetických stromů. Dále byly vytvořeny haplotypové sítě a byly spočítány p-distance mezi jednotlivými populacemi.

U druhu *H. arabicus* byla na základě analýzy mitochondriálního genu pro cytochrom *b* zjištěna značná genetická divergence mezi populacemi Íránu a Ománu. Íránské populace se od ománských lišily hodnotami nekorigované p-distance 3,74–4,78 %, což by mohlo naznačovat oddělení íránských populací na úrovni poddruhu. U druhu *H. ariel* byla analýzou mitochondriálního genu pro cytochrom *b* zjištěna výrazná genetická diverzita u populací z Egypta, které se od ostatních populací z Jemenu, Ománu a Jordánska lišily hodnotami nekorigované p-distance 6,07–6,54 %, což by mohlo naznačovat oddělení egyptských jedinců na úrovni samostatného taxonu. Tyto dvě hypotézy v rámci analýzy potvrdil i konkatenovaný fylogenetický strom celé matrix. U druhu *H. savii* byly analýzou dostupných vzorků ze západní Palearktidy vymezeny tři hlavní linie. První linie zahrnuje španělské populace *H. savii*, čtyři vzorky ze Švýcarska a jeden ze Slovinska. Druhá linie zahrnuje populace z Maroka, Itálie, Švýcarska, Slovinska, Maďarska, Rakouska a České republiky. Třetí linie zahrnuje populace Balkánského poloostrova a Blízkého východu. Tato linie se následně rozdělila na dvě sublinie, které ale měly mezi sebou rozdíl maximálně do 2 %. Tři hlavní linie se od sebe lišily hodnotami nekorigovaných p-distancí o více jak 8 %. Tyto tři linie by mohly na základě analýzy zastupovat tři poddruhy *H. savii*. Pro objasnění této hypotézy je ale potřeba důkladnější studie, která bude zahrnovat zástupce *H. savii* ze všech lokalit západní Palearktidy, kde byl dosud *H. savii* zaznamenán.

Všechny tři zkoumané druhy se jasně oddělili v rámci rodu *Hypsugo*, což potvrdily analýzy všech markerů.

Klíčová slova: Chiroptera, *Hypsugo*, západní Palearktida, molekulárně genetická analýza