

## ABSTRAKT

Přestože evropská flóra patří mezi vůbec nejlépe probádané, můžeme v ní i tak nalézt řadu jen okrajově studovaných skupin. Jedním z takových příkladů je i polyploidní komplex kopřivy dvoudomé (*Urtica dioica*), ve kterém lze nalézt řadu vzácných diploidních taxonů, které se často vyskytují v nepřístupných a částečně reliktních oblastech, na rozdíl od kosmopolitně rozšířených tetraploidních jedinců, kteří vyhledávají především rozličná synantropní stanoviště a jejichž evoluční historie zatím nebyla zcela objasněna. Předkládaná disertační práce pojednává zejména o evoluci diploidních taxonů, rozeznávaných na území Evropy a v přilehlých oblastech jihozápadní Asie (*Urtica dioica* subsp. *kurdistanica*, *U. d.* subsp. *pubescens*, *U. d.* subsp. *sondenii*, *U. d.* subsp. *subinermis*). Poznání evoluce na diploidní úrovni může položit základ k pochopení fylogenetických vztahů a odhalit tak evoluční historii polyploidů (*U. d.* subsp. *dioica*). Studie se zabývá i dalšími příbuznými druhy vně komplexu *U. dioica*, a to zejména z oblasti Středomoří. V rámci cytogeografické studie byl zpracován rozsáhlý soubor 7012 vzorků z 1317 populací, zahrnující většinu v současnosti uznávaných diploidních poddruhů *U. dioica*. Z celého souboru vzorků bylo následně vybráno 279 rostlin (rovnoměrně pokrývajících geografickou i morfologickou rozmanitost), které byly využity pro zkoumání fylogenetické a morfometrické diferenciace. V rámci cytogeografických sběrů byla zjištěna výrazná převaha tetraploidních jedinců nad diploidními (87 % tetraploidů a 13 % diploidů). Vůbec poprvé se podařilo podchytit i vzácné triploidní a pentaploidní úrovně, které byly odhaleny jak v terénu, tak i v analýzách semen. Navazující analýzy velikosti genomu neukázaly výrazné rozdíly mezi diploidními poddruhy, avšak v rámci příbuzných druhů *U. dioica* byly Cx-hodnoty signifikantně rozdílné (*Urtica bianorii*, *U. cypria*, *U. kioviensis*, *U. rupestris*), což může být podpůrným znakem pro genetickou vzdálenost v molekulárních analýzách. Všechny podchycené ploidní úrovně byly ověřeny počítáním chromozomů. Pro pochopení základních fylogenetických vztahů byla použita kombinace různých molekulárních přístupů. Vyhodnocení dat probíhalo nejprve na diploidní úrovni a posléze na celém souboru vzorků, stejný postup byl použit i u morfometrických analýz. Diploidní taxony vytvořily více či méně oddělené shluky v rámci morfometrického zhodnocení variability, avšak v molekulárních analýzách nevytvořily rozeznatelnou strukturu. Navíc po přidání tetraploidních jedinců se obě skupiny sloučily v jeden neodlišitelný shluk, jak v molekulárních, tak i morfometrických analýzách. K podchycení specifických stanovištních vazeb a ekologických preferencí jednotlivých cytotypů byla využita korelace se zeměpisnou šířkou, délkou a nadmořskou výškou, bioklimatické modelování a míra afinity k člověkem ovlivněným stanovištím. Diploidní populace nejčastěji dávají přednost nižším nadmořským výškám, mají užší ekologickou niku a vyskytují se v člověkem méně ovlivněných prostředích ve srovnání s všudypřítomným, synantropním tetraploidním cytotypem.