

ABSTRAKT

Diplomová práce se zabývá původem a demografickými charakteristikami geograficky izolovaných, nedávno vzniklých populací hýla rudého (*Carpodacus erythrinus*) na západním okraji areálu druhu. Práce je založena na nově získaných sekvencích dvou úseků mitochondriální DNA (410 páru bazí dlouhá sekvence kontrolní oblasti a 1029 dlouhá sekvence genu ND2) zjištěných u 82 jedinců ze 13 lokalit a jejich srovnáním s publikovanými sekvencemi z kontinuálního areálu. Zjistila jsem, že geograficky izolované populace ze střední a severní Evropy nejsou významně geneticky izolované od populací kontinuálního areálu. Nově vzniklé populace také vykazují překvapivě vysokou diverzitu srovnatelnou s asijskými populacemi. Tato zjištění nasvědčují intenzivnímu toku genů mezi populacemi zprostředkovanému pravděpodobně převážně disperzí mladých ptáků před prvním zahnížděním. Navzdory intenzivnímu toku genů mezi kontinuálním areálem a středo- a severoevropskými izolovanými populacemi hýli z Kavkazu, Bulharska a Turecka utvořili jasně oddělenou skupinu, která byla podpořena na základě několika typů analýz. Zdá se tedy, že jedinci z těchto oblastí mohou mít vlastní oddělené zimoviště, komunikují jen minimálně se zbytkem areálu a díky tomu jsme zde zřejmě svědky počínající speciace.

Klíčová slova: Hýl rudý (*Carpodacus erythrinus*), izolované populace, populační struktura, expanze, počínající speciace, mitochondriální DNA, kontrolní oblast, ND2