

Abstrakt

Ekonomicky významný polyploidní rod *Curcuma* L. (Zingiberaceae) je z taxonomického hlediska problematický. Druhy s rozdílným stupněm ploidie (2x, 6x, 9x, 11x, 12x, 15x) preferují různé rozmnožovací strategie, které mají za následek rozdílnou míru morfologické variability, která znesnadňuje identifikaci jednotlivých druhů. Problémy v nomenklatuře a absence celkové revize rodu navíc vede k nesprávnému užívání druhových jmen a spolu s neobjasněnými vztahy v rámci rodu neumožňují spolehlivou vnitrorodovou klasifikaci. Molekulární studie na úrovni čeledi Zingiberaceae navíc naznačuje, že rod *Curcuma* je parafyletický s několika příbuznými rody (Kress et al. 2002). V recentní cytologické studii indických zástupců rodu *Curcuma* (Leong-Škorničková et al., 2007) bylo navrženo členění podrodu *Curcuma* podle rozdílů v homoploidní velikosti genomu. Cílem této magisterské práce je 1) ověřit monofyletický původ třech „genomových skupin“ navržených studií Leong-Škorničková et al. (2007) a nastínit fylogenetické vztahy druhů jak v rámci těchto skupin, tak mezi nimi a 2) zhodnotit fylogenetické vztahy mezi rodem *Curcuma* a čtyřmi zástupci blízké příbuzných rodů (*Hitchenia caulina*, *Monolophus scaposus*, *Stahlianthus involucratus*, *Stahlianthus campanulatus*).

Pro řešení těchto cílů byly vybrány dva typy molekulárních markerů – AFLP fingerprinting a klonování úseku ITS ribosomální DNA. Metodou AFLP bylo analyzováno 19 indických zástupců rodu *Curcuma* (celkem 115 jedinců), zatímco pro sekvenční analýzy bylo vybráno 24 druhů rodu *Curcuma*, 4 druhy reprezentující příbuzné rody a 4 druhy byly vybrány jako outgroup (mimoskupina). Tento výběr druhů pokryl dva současně rozeznávané podrody rodu *Curcuma* (subg. *Curcuma* a subg. *Hitcheniopsis*), tři genomové skupiny (I, II, III) definované v podrodu *Curcuma* (Leong-Škorničková et al., 2007) a šest ploidních úrovní u indických zástupců rodu.

Rekonstrukce fylogenetických vztahů na základě analýz dvou nezávislých molekulárních markerů odhalily podobnou strukturu vztahů v rámci rodu. V rámci podrodu *Curcuma* (převážně indiští zástupci rodu) byly odhaleny dvě hlavní vývojové větve. První z nich zahrnovala všechny zástupce genomové skupiny I a jeden druh ze skupiny II. Druhá vývojová větev zahrnovala všechny ostatní zástupce skupiny II a všechny analyzované zástupce skupiny III. Fylogenetické vztahy v rámci jednotlivých vývojových větví nebyly jednoznačně vyřešeny, ale je zřejmé, že mezidruhové vztahy jsou komplikovány allopolyploidizací, hybridizací a retikulární evolucí. Složitý charakter evoluce úseku ITS v rámci genomu byl brán v úvahu při interpretaci fylogenetických vztahů mezi studovanými jedinci a krátce diskutován. *Hitchenia caulina*, *Monolophus scaposus*, *Stahlianthus involucratus* a *Stahlianthus campanulatus* byly dle analýzy ITS jednoznačně podpořeny jako zástupci rodu *Curcuma* což je v souladu s výsledky dvou nezávislých studií Ngambriabsakul et al. (2004) a Leong-Škorničková et al. (2007)

Klíčová slova: *Curcuma*, Zingiberaceae, polyploidie, fylogeneze, retikulární evoluce, velikost genomu, molekulární markery, AFLP, ITS