

Cílem předkládané disertační práce bylo přispět k obecně lepšímu pochopení biologie skupiny *Eubosmina* za využití molekulárně-genetických metod a vyplnit tak některé mezery v dosavadních znalostech, zejména pak v evoluční biologii, taxonomii a systematice.

Hlavním cílem bylo objasnit původ morfotypů skupiny *Eubosmina*, jejich taxonomické postavení a evoluční význam. Dalším úkolem pak ověřit možné refugium či refugia pro Evropskou skupinu *Eubosmina*. Vzhledem k dostupným paleolimnologickým záznamům, sympatrickému výskytu v relativně homogenním prostředí pelagiálu sladkovodních jezer a způsobu rozmnožování (cyklická partenogeneze), představuje skupina *Eubosmina* evoluční systém s jedinečnými a výhodnými vlastnostmi. I přesto zůstává v pozadí moderního výzkumu, což platí zejména v oblasti evoluční biologie, taxonomie a systematiky. Přestože jsou zástupci skupiny *Eubosmina* často zmiňováni v paleolimnologických či ekologických studiích, jejich taxonomický systém je založen pouze na morfologických znacích, které jsou značně plastické. Celá skupina, zvláště pak Evropsští zástupci, vykazují výraznou cyclomorfosu a lokální rozdíly. Z tohoto důvodu se taxonomické systémy skupiny *Eubosmina* liší mezi různými autory. V minulosti téměř každý autor zabývající se skupinou *Eubosmina* navrhl jiný taxonomický systém, přestože byly využívány stejné morfologické znaky. Vzhledem k tomu, že nejsou detailní genetické studie ani celkové morfometrické porovnání, přetrvávají nejasnosti ohledně odlišnosti, evoluční podstaty/významnosti a taxonomického postavení morfotypů. Jsou navrženy různé hypotézy navrhuující jeden morfologicky variabilní druh až desítky místních druhů. Přítomnost dobrého paleolimnologického záznamu (carapax a antennuly s hlavními morfologickými znaky používanými k rozlišení morfotypů) nabízí důležité poznatky, ale nezodpoví ani otázku původu morfotypů, které s největší pravděpodobností vznikly po posledním zalednění, ani otázky týkající se výskytu a počtu možných refugií.

K rozlišení morfotypů byl v této práci používán nejnovější a nejlépe propracovaný taxonomický systém U. Liedera. S poddruhy tohoto systému bylo zacházeno jako s odlišnými skupinami nazývanými morfotypy či “morfologické druhy” (morphotypes, morphospecies) a byly analyzovány morfologicky (v případě čtyř jezer se sympatrickými morfotypy) a geneticky. První použitý genetický marker (mitochondriální gen COI) se ukázal nevhodným, (neinformativním) a tak je práce založena na rychleji se „vyvíjejícím” mitochondriálním genu ND2. Objevení a získávání pseudogenu tohoto mitochondriálního genu znesnadnilo práci a získání potřebných dat. Dále byly získávány sekvence dvou jaderných genů (HSP a TBP 70), ale pouze HSP gen byl použit (v případě čtyř jezer se sympatrickými morfotypy) k analýze a zodpovězení otázek. Získané výsledky přispěly k lepšímu pochopení evoluční biologie skupiny *Eubosmina* – evolučního významu morfotypů, jejich taxonomickému opodstatnění a potvrdily vhodnost skupiny jako modelového organismu pro evoluční studie.

DNA-sekvence celkového mitochondriálního genomu jedince *Bosmina* (*Eubosmina*) *tanakai*, která byla získána novou metodou, umožnila porovnání se sekvencemi dalších blízkých zástupců rodu (*Bosmina* (*Eubosmina*) *coregoni*, *Chydorus brevilabris*, *Daphnia pulex*, and *Artemia franciscana*). Toto porovnání ukázalo rozdílnou mutační rychlost mitochondrií sledovaných druhů.