

- ABSTRAKT -

Biologické invaze korýšů představují vážnou hrozbu pro původní druhy v Evropě. Ve své dizertační práci jsem se zaměřila na nepůvodní sladkovodní raky introdukované do Evropy, a jejich parazita *Aphanomyces astaci*, původce račího moru. Má práce zahrnuje čtyři publikované prvoautorské články (**kapitoly I, II, IV a V**), dva prvoautorské rukopisy (**kapitoly III a VI**) a jeden článek, jehož jsem spoluautorkou (**kapitola VII**).

První část (**kapitoly I-V**) je zaměřena na genetickou variabilitu severoamerických raků introdukovaných do Evropy. Ukázali jsme, že genetická variabilita dvou raků, kteří jsou oba úspěšnými invazními druhy v Evropě, se výrazně liší a odráží jejich odlišný způsob kolonizace kontinentu. Rak pruhovaný, *Orconectes limosus*, byl pravděpodobně do Evropy introdukován jen jednou, kdy bylo dovezeno 90 jedinců. Variabilita na úrovni mitochondriální DNA je u raka pruhovaného v Evropě mnohem nižší než v Severní Americe (**kapitola I**), ačkoli určitá míra variability byla zaznamenána na jaderných markerech v jeho středoevropských populacích (**kapitola II**). Opačným příkladem je rak signální, *Pacifastacus leniusculus*, který byl do Evropy introdukován vícekrát, mnoha jedinci. Jeho geneticky vysoce diverzifikované evropské populace patří jedinému poddruhu *P. I. leniusculus* (**kapitola III**). Ten je jedním ze tří poddruhů, které jsou známé ze severní Ameriky. Objev nových linií mitochondriální DNA v severní Americe ovšem ukazuje, že rozdělení těchto poddruhů by mělo být přezkoumáno a bude proto vhodné dále studovat raka signálního v jeho americkém areálu.

Kapitola V ukazuje, že pro přesné určení nově objevených nepůvodních druhů raků v Evropě je vhodná metoda genetického „čárového kódu“ (DNA barcoding). Ověřili jsme identifikaci (určenou na základě morfologie) u některých z těchto invazních raků (*Orconectes juvenilis*, druhový komplex raka *O. virilis*, dále *Procambarus fallax*, a komplex *P. acutus/zonangulus*). U studovaných jedinců komplexu kryptických druhů raka *Orconectes virilis* (**kapitola IV**), u raka *O. immunis* a u komplexu *P. acutus/zonangulus* jsme našli překvapivě vysokou míru genetické variability. Porovnání variability nepůvodních raků v Evropě s daty ze severní Ameriky nám tedy může pomoci odhalit důležité informace o celkové variabilitě v rámci těchto taxonů.

Kapitoly VI a VII jsou věnovány detekci račího moru u nepůvodních raků v Evropě. Původce onemocnění, *Aphanomyces astaci* (oomycety), se poprvé objevil v Evropě v roce 1859 a způsobil masový úbytek populací původních druhů raků. Severoameričtí raci přítomní v Evropě mohou tento patogen přenášet a nakazit jím původní evropské druhy; stále tak způsobují úhyny těchto citlivých populací. Informace o promořenosti populací invazních druhů račím morem jsou proto nezbytné, abychom zjistili, jaké nebezpečí tyto populace představují pro původní raky. **Kapitola VI** přináší údaje o promořenosti francouzských populací raka signálního *P. leniusculus* račím morem, které byly získány kvantitativní metodou TaqMan MGB real-time PCR. Potvrdili jsme, že tento druh je ve Francii přenašečem račího moru a doufáme, že naše data přispějí k účinné ochraně původního raka bělonohého, *Austropotamobius pallipes*, v této zemi. V **kapitole VII** jsme použili stejnou metodu detekce *A. astaci*, abychom otestovali vzorky invazních raků ze střední Evropy, které byly dříve zpracovány jinou molekulární metodou. Vysoká citlivost real-time PCR nám umožnila odhalit další nakažené jedince, u kterých nebyla nákaza dříve prokázána. Potvrdili jsme tak, že tato metoda je velmi vhodná pro detekci původce račího moru, přestože je vhodné použít kombinaci více molekulárních metod.