

Práce se zabývá genetickou variabilitou a evolučními vztahy mezi vybranými druhy skupiny *Chenopodium album* a původem hexaploidního druhu *Ch. album s. str.* ve smíšených populacích pěti druhů, reprezentovaných na diploidní úrovni druhy *Ch. ficifolium* a *Ch. suecicum*, na tetraploidní úrovni *Ch. strictum* a *Ch. striatiforme* a na hexaploidní úrovni druhem *Ch. album*. K zodpovězení těchto otázek byly použity mikrosatelitové markery, které jsou pro odhalení rodičovských linií vhodné. Jelikož pro danou skupinu nebyly vyvinuty žádné mikrosatelitové primery, bylo nutné si je na počátku studia vyvinout a to přenosem z blízkce příbuzného druhu *Ch. quinoa*.

Přenosem mikrosatelitových primerů se podařilo sestavit tři multiplex PCR, které byly testovány na reprezentativním vzorku, na kterém byla odhadnuta genetická variabilita mikrosatelitových lokusů. Pomocí optimalizovaných mikrosatelitových markerů bylo analyzováno celkem 911 jedinců nasbíraných z pěti lokalit v České republice. Výsledky analýz ukázaly na (1) vysokou mezidruhovou diferenciaci, (2) genový tok mezi druhy stejných ploidních úrovní, (3) přítomnost kříženců jak mezi diploidními druhy *Ch. ficifolium* a *Ch. suecicum*, tak i mezi tetraploidními druhy *Ch. strictum* a *Ch. striatiforme*. Zvláště zajímavý byl objev kříženců mezi tetraploidními druhy, jelikož se jedná vůbec o první důkaz, že mezi těmito druhy k hybridizaci dochází.

Potvrdila se již dříve prezentovaná hypotéza o alopolyloidním původu hexaploidního druhu *Ch. album* z diploidního a tetraploidního druhu. Výsledky analýz ukázaly, že k recentnímu vzniku *Ch. album s. str.* může velmi vzácně docházet, jelikož bylo detekováno 8 jedinců, kteří jsou pravděpodobně recentními kříženci mezi diploidními a tetraploidními druhy. Analýzou však nebylo možné určit přesného diploidního rodiče, ale na tetraploidní úrovni se jako pravděpodobný rodič ukázal *Ch. striatiforme*.