

Abstrakt

Náplní této práce jsou informace o většinově se vyskytujících cytotypech, respektive diploidech a tetraploidech druhu *Vicia cracca*. První část je věnována rozmístění cytotypů studovaného druhu v Severní Americe, kde je tento druh invazní. Rozmístěním cytotypů se zabývám v rámci hypotézy, že polyploidní druhy se mezi invazními druhy vyskytují častěji než druhy diploidní. Jejich vyšší úspěšnost může být dána větší variabilitou genů, získanou polyploidizací a případnými genovými subfunkcionalizacemi. Všechny invazní populace *Vicia cracca* zahrnuté v této práci byly výhradně tetraploidní, což podporuje hypotézu o vyšší invaznosti polyploidů. Polyploidizované druhy totiž mohou být například lepšími kompetitory a to díky vlastnostem, které plynou právě ze znásobení genomu. Mezi tyto vlastnosti lze zahrnout různé růstové charakteristiky nebo zvýšenou stresovou odolnost vůči některému faktoru. Druhou částí mé práce je proto testování hypotézy, že polyploidi jsou více variabilní ve velikosti různých částí rostlinného těla a proto jsou schopni více vyrůst i v podmínkách, které nejsou vhodné pro diploidy. Jak předpovídá tzv. EICA hypotéza (evolution of increased competitive ability), rostliny v sekundárním areálu mají více prostoru pro další evoluci a lze tedy očekávat, že jejich růstové charakteristiky se budou lišit i od rostlin stejné ploidie z areálu původního. Tato část práce tedy obsahuje výsledky srovnání vybraných růstových vlastností rostlin z původních diploidních a tetraploidních populací a invazních tetraploidních populací s cílem posoudit, co by mohlo být důvodem současného rozmístění těchto cytotypů. Reakce invazních tetraploidů na stres zastíněním byly podobné tetraploidům z přirozených oblastí výskytu a lišili se od diploidů. To naznačuje, že polyploidní rostliny byly preadaptovány podmínkám nového prostředí a že proces polyploidizace byl tedy významným předstupněm k invazi druhu. Při srovnávání rostlin z přirozeného a druhotného areálu je také užitečné vědět, z jaké části přirozeného areálu invazní populace pocházejí. Proto se ve třetí části práce zabývám určováním příbuzenské vzdálenosti mezi populacemi *Vicia cracca* z Evropy a Severní Ameriky. Nalezení rozdílů ve vybraných sekvencích obecně umožňuje posuzovat příbuznost cytotypů a jednotlivých populací. Sekvence jaderných a chloroplastových DNA markerů, které byly v této práci testovány, však nebyly dostatečně odlišné pro bližší určení genetické vzdálenosti sledovaných populací.

KLÍČOVÁ SLOVA: *Vicia cracca*, tetraploid, invazní druh, růstový experiment, genetická vzdálenost, genetické markery