

## Souhrn

Do subtribu *Hieraciinae* jsou řazeny taxonomicky složité polyploidní a většinou apomiktické rody *Hieracium* a *Pilosella*, stejně jako diploidní sexuálně se rozmnožující rod *Andryala*. Tyto rozdíly nabízí unikátní možnost porovnat evoluční trendy a procesy u blízké příbuzných skupin s odlišným zastoupením polyploidie, odlišným způsobem rozmnožování a zeměpisným rozšířením. Předložená disertační práce se zabývá pouze skupinou *Hieracium* s. str. a rodem *Andryala*; rod *Pilosella* byl studován jinými autory.

Byla stanovena velikost genomu tzv. „základních druhů“ rodu *Hieracium* s. str. (*Hieracium* podrod *Hieracium*) a naměřené hodnoty byly porovnány s výsledky fylogenetické analýzy sekvencí jaderné ribozomální DNA, ploidní úrovní, reprodukčními mechanismy a ekogeografickými faktory. Byla analyzována jak vnitrodruhová, tak mezidruhová variabilita velikosti genomu. Variabilita velikosti genomu koresponduje s výsledky molekulární fylogeneze, která oddělila tři hlavní skupiny druhů v souladu s jejich geografickým rozšířením v Evropě („západní“, „východní“ a „hybridogenní“). Monoploidní velikost genomu „západní“ skupiny je signifikantně menší než velikost genomu „východní“ skupiny. Vnitrodruhová variabilita je obecně velmi malá. Při porovnání monoploidních velikostí genomu diploidních a polyploidních rostlin byl zjištěn „genome downsizing“. Byla prokázána korelace velikosti genomu a zeměpisné délky. Korelace s jinými ekogeografickými faktory prokázána nebyla.

U rodu *Andryala* byla rekonstruována evoluční historie a stanoveny velikosti genomu. K rekonstrukci fylogenetických vztahů uvnitř rodu jsme použili tři jaderné úseky DNA (ETS, ITS a single-copy gen *sqs*) a dva chloroplastové úseky (*trnT-trnL* and *trnV-ndhC*). Zatímco analýza chloroplastových úseků potvrdila předešlé zjištění, tedy velmi vzdálenou introgresi z rodu *Pilosella*, jaderné úseky DNA ukazují na monofyletický původ rodu *Andryala*. V důsledku nízké variability obou jaderných ribozomálních a obou chloroplastových úseků DNA a vysoké míře homoplazií u nejvariabilnějšího úseku *sqs*, neumožnil žádný z použitých markerů podrobně rekonstruovat fylogenetické vztahy. Fylogenetická analýza oddělila pouze dvě bazální dobře podpořené skupiny, přičemž každá je tvořena jedním reliktním druhem *A. laevitomentosa*, *A. agardhii*. Do třetí dobře podpořené skupiny („Major Radiation Group“) spadají všechny ostatní analyzované druhy. Vztahy uvnitř této skupiny zůstaly nevyřešené. Největší velikost genomu byla stanovena u reliktních druhů (*A. laevitomentosa*, *A. agardhii*) a u dvou populací druhu *A. ragusina*. Oproti tomu dvě jiné populace druhu *A. ragusina* mají výrazně menší velikost genomu. Vyšší vnitrodruhová variabilita velikosti genomu u několika málo druhů může být vysvětlena alopatrickou speciací zahrnující ostrovní populace nebo introgresivní hybridizací.

Zvláštní pozornost byla také věnována fylogeografii a cytotypové struktuře druhu *Hieracium intybaceum*, sesterské skupině všech čtyř rodů subtribu *Hieraciinae* tvořící linii s ne úplně jasným postavením. Bylo zkoumáno 43 populací napříč celým areálem tohoto druhu (Alpy, Vogézy a Schwarzwald). Všechny populace byly podrobeny cytometrickým a molekulárním (AFLP) analýzám. Byly odhaleny dvě ploidní úrovně – diploidní a tetraploidní, které se liší reprodukčními způsoby (sexuální u diploidů, apomixie u tetraploidů, stejně jako u ostatních zástupců rodu *Hieracium* s. str.). Diploidní populace byly zjištěny napříč celými Alpami, tetraploidní populace jsou omezeny pouze na malé území západních Alp a Vogéz; ploidně smíšené populace nebyly nalezeny. Genetická variabilita je celkově velmi nízká. Bayesovská analýza našla čtyři klastry/genetické skupiny, které částečně korespondují s ploidní strukturou a geografickým rozšířením (východní vs. západní Alpy). Domníváme se, že odledněná území byla pravděpodobně kolonizována z mateřských diploidních populací západních Alp.