

ABSTRAKT

Tato diplomová práce se zabývá výzkumem fylogeneze hybridně polyploidního rodu *Curcuma* z čeledi *Zingiberaceae* s využitím next-generation sekvenování, které umožňuje získat stovky až tisíce jaderných lokusů pro tvorbu fylogenetických stromů, což se jeví jako vhodnější přístup oproti dosud hojně využívané cpDNA a ITS lokusu, zvláště u hybridních a polyploidních skupin.

K získání dat pro fylogenetické analýzy byla využita metoda Hybridization-based sequencing (Hyb-Seq), která kombinuje cílené obohacení (target enrichment) a mělké sekvenování (genome skimming). K analýze dat byla využita především pipeline HybPhyloMaker specificky vyvinutá pro práci s Hyb-Seq daty.

Bylo osekvenováno celkem 27 druhů rodu *Curcuma* a tři druhy tvořící outgroup. Fylogenetické stromy získané ze všech 1 154 a 811 vybraných jaderných low-copy genů vykazují vysoké podpory jednotlivých uzlů, oproti tomu fylogeneze získané z celého chloroplastového genomu a rDNA cistronu jsou v některých větvích podpořené méně a vykazují inkongruence v topologii oproti stromům z jaderných low-copy genů. Fylogenetické sítě vytvořené z jaderných genů, lineage movement analýza a testy monofylie jsou ve shodě s dříve publikovanou teorií o hybridním meziliniiovém původu 3 druhů – *C. vamana*, *C. myanmarensis* a *C. roscoeana*. Tyto metody také ukázaly pravděpodobně hybridní vznik druhu *C. candida* z rodičovských druhů spadajících do skupiny *Curcuma I* a na bázi podrodu *Curcuma*.

KLÍČOVÁ SLOVA

Next-generation sekvenování, Hyb-Seq, kurkuma, fylogeneze, polyploidie, hybridizace, jaderné low-copy geny, plastom, ribozomální DNA