

Abstrakt

Výskyt některých rozsivek závisí na míře znečištění a kvalitě vody, z tohoto důvodu jsou rozsivky v současnosti využívány v biomonitoringu. Jejich maximálnímu využití pro tento účel však brání vysoký počet druhů, které jsou definovány na základě ultrastrukturálních morfologických znaků, které jsou bez použití elektronového mikroskopu pouhým okem nerozlišitelné.

Cílem této práce bylo zjistit vliv environmentálních faktorů, typu habitatu a geografie na rodové složení rozsivkové společnosti, a zjistit zda bohatství vyšších taxonomických stupňů odpovídá diverzitě druhové, konkrétně genetické diverzitě druhového komplexu *Frustulia crassinervia-saxonica*.

Analyzováno bylo 49 trvalých preparátů z přírodních vzorků odebraných z bentosu nejrůznějších typů sladkovodních habitatů – jezera, přehrady, tůň, rašeliniště, prameniště, smáčené zdi, nacházejících se v Evropě, Kanadě, Grónsku, Chile a na Novém Zélandu. Ve všech vzorcích bylo na základě morfologických znaků determinováno 300 buněk na rodové úrovni.

Celkem bylo nalezeno 43 bentických rodů. Výsledky této práce ukázaly, že počet rodů koreluje s gradientem pH, ale nekoreluje s dalšími faktory prostředí, jako jsou konduktivita, nadmořská výška, amplituda denních teplot a počet dní, kdy je průměrná denní teplota pod bodem mrazu. Vliv na strukturu společnosti má z pozorovaných environmentálních faktorů jen konduktivita. Všechny tyto výsledky korespondují s již publikovanými studiemi. Dále bylo zjištěno, že rodová diverzita rozsivkového společenstva odpovídá diverzitě pozorované v rámci rodu *Frustulia*.