

ABSTRAKT

Velikost genomu je jednou ze základních charakteristik živých organismů. U krytosemenných rostlin dosahuje rozsahu pěti řádů, což vždy fascinovalo vědce a vyvolávalo mnoho otázek. Tato práce se zabývá různými aspekty velikosti genomu u rostlin. Počínaje detailním studiem na homoploidní vnitrodruhové úrovni, přes studium ploidně variabilních druhů až po srovnávání velikosti genomu mezi druhy, jsme se snažili zjistit, jaký vztah má velikost genomu k biologickým vlastnostem rostlin, stanovit dynamiku a rozsah variability velikosti genomu a detekovat dosah velikosti genomu až do úrovně ekologické a evoluční.

Stěžejní metodou stanovení velikosti genomu v celé práci je průtoková cytometrie (FCM). U druhu *Taraxacum stenocephalum* vykazujícího extrémní variabilitu velikosti genomu jsme provedli opylovací experiment, kde jsme křížili rodiče s různou velikostí genomu. Porovnali jsme velikost genomu rodičů a F1 generace. U potomků jsme také sledovali souvislost velikosti genomu a růstových charakteristik. U ploidně variabilních druhů *Galium valdepilosum* a *Arabidopsis arenosa* jsme se zabývali rozšířením zjištěných cytotypů a jejich ekologickými nároky. Na souboru druhů andského rodu *Lasiocephalus* jsme studovali relativní i absolutní velikost genomu, provedli jsme ITS sekvenování a otestovali možné hlavní příčiny této variability. Na souboru nepůvodních druhů jsme porovnáním s jejich neinvazivními příbuznými testovali vztah velikosti genomu a invazivnosti rostlin. Protože cytometrické stanovení velikosti genomu má i svá omezení, snažili jsme se najít způsob, jak se vypořádat s potřebou čerstvých vzorků a otestovali protokol v laboratoři i v terénu.

Potvrdili jsme výjimečnou vnitrodruhovou variabilitu v rostlinách *Taraxacum stenocephalum* a ukázali, že velikost genomu potomstva je u tohoto druhu zřejmě určena průměrnou hodnotou velikostí genomu rodičů. Objevili jsme vztah mezi velikostí genomu a některými růstovými vlastnostmi. Studované cytotypy ploidně variabilních druhů se liší ve svých ekologických preferencích podle druhu, ke kterému patří. U rodu *Lasiocephalus* jsme zjistili, že velikost genomu koreluje s fylogenezí skupiny. Potvrdili jsme souvislost mezi velikostí genomu a invazivností. A podařilo se nám sestavit laboratorní protokol fixace jader, který umožňuje zpracovávat vzorky i ze vzdálených oblastí.

Tato práce přináší důkazy o tom, že velikost genomu může ovlivnit různé stránky života rostlin, a je proto důležitým markerem ve studiu rostlin. Velikost genomu nám může poukazovat na různé evoluční procesy jako polyploidie či hybridizace. Její vliv a význam se ale liší u jednotlivých skupin rostlin a také podle úrovně studia (buňky, fenotyp, ekologie). Je proto vždy nutné přesně definovat otázky a vybrat si k jejich zodpovězení vhodný předmět studia.