

## Abstract

Pravé jestřábníky (*Hieracium* podrod *Hieracium* s. str.) se vyznačuje extrémní morfologickou variabilitou a různorodostí ploidních úrovní, která je spojená s různými způsoby reprodukce. Předpokládá se, že v minulosti probíhala v rámci podrodu rozsáhlá hybridizace. V současné době je však hybridizace velice vzácná. Taxonomie podrodu je dost dobře propracována a diverzita na úrovni druhů je podrobně popsána. Na druhé straně evoluční vztahy mezi jednotlivými druhy zatím nebyli studovány. Tato studie představuje první a zatím jedinou práci zaměřenou na objasnění těchto vztahů pomocí molekulárně biologických metod. Do analýz byly zahrnuty výlučně základní druhy (diploidní i polyploidní), které jsou morfologicky dobře odlišitelné a jsou chápány jako základní evoluční linie v rámci podrodu. Byli analyzovány sekvence dvou úseků chloroplastové DNA (*trnT-trnL* and *trnV-ndhC*) a mezerníkového úseku ETS, jádrové ribosomální DNA (nrDNA). V rámci studie byli vyvinuty tři nové low-copy jaderné markery, vhodné pro fylogenetické analýzy u *Hieracium* s. str., a každý z nich vykazoval vyšší variabilitu než nrDNA ETS. Jeden z nich, konkrétně část genu kódujícího enzym Squalen syntetázu (*sqs*), byl využit v rámci studie jako další jaderný úsek. Na základě analýzy sekvencí nrDNA ETS byly v podrodu *Hieracium* s. str. identifikovány dvě základní vývojové větve, korespondující s geografickým rozšířením druhů. Tyto výsledky jsou dále v souladu s výsledky zjištěnými na základě stanovení celkového obsahu DNA. Na druhé straně na základě analýz chloroplastové DNA a *sqs* nebyli tyto dvě hlavní skupiny identifikovány. Tyto markery spíše potvrdili existenci několika podskupin vymezených v rámci dvou hlavních vývojových větví. Nízká variabilita u ETS a neobjasněné fylogenetické vztahy mezi terminálními skupinami u *sqs* a chloroplastové DNA naznačují, že *Hieracium* s. str. je relativně mladá skupina s recentní speciací. V rámci podrodu byla odhalena nečekaně vysoká míra hybridizace a to i přes to, že do studie byli zahrnuti pouze základní druhy. Překvapivý je hlavně fakt, že hybridní původ byl odhalen i v případě diploidních taxonů. Předpokládá se že hybridizace je daleko rozsáhlejší, ale její detekce je stěžena probíhajícími populačně genetickými (genetický drift, selekce, incomplete lineage sorting) a nebo genomickými (concerted evolution) procesy. Na základě těchto výsledků lze považovat mezidruhovou hybridizaci za hlavní způsob speciace podrodu *Hieracium* s. str. U některých rostlin u kterých byl potvrzen hybridní původ byl identifikován unikátní genetický materiál. S nejvyšší pravděpodobností se jedná o sekvence již vyhynulých taxonů reprezentujících rodičovské linie těchto hybridů. Tato zjištění naznačují, že diverzita v rámci podrodu *Hieracium* s. str. byla v minulosti ještě větší než jakou nacházíme v současnosti.