

Abstrakt

Z celkového počtu patnácti druhů rodu *Anthoxanthum* (Poaceae) se na území Evropy odlišuje 8 taxonů. Pět z nich je vytrvalých a tvoří komplex *A. odoratum* s. l., tři jsou jednoleté, víceméně mediteránní taxony (*A. aristatum*, *A. ovatum* a *A. gracile*). V rámci komplexu *A. odoratum* s. l. jsou vylišovány tyto taxony: široce rozšířené *A. odoratum* s. str. ($4x$; $2n = 20$), arкто-alpinské *A. alpinum* ($2x$ a $4x$; $2n = 10$ a 20), endemit Madeiry *A. maderense* ($2x$; $2n = 10$), endemit balkánských hor *A. pauciflorum* ($2x$; $2n = 10$) a endemit Pyrenejského poloostrova *A. amarum* ($?x$; $2n \sim 90$). Předmětem této studie je objasnění dosud neznámých vzájemných evolučních vztahů mezi taxony, mezi jednoletými a vytrvalými zástupci a mezi diploidy a polyploidy.

Konkrétními otázkami jsou: 1) Jaký je původ a rozšíření znovuobjeveného diploidního vytrvalého taxonu a jaká je jeho vazba k ostatním zástupcům skupiny; 2) Jaké distribuční *pattern* zaujímají vytrvalí zástupci rodu *Anthoxanthum* v Evropě a jaká je jejich haplotypová diferenciace (celkové rozšíření taxonů a haplotypů a existence jejich sympatrického výskytu); 3) Jaké jsou evoluční vazby mezi jednotlivými zástupci rodu v Evropě a jakým způsobem vznikl allotetraploidní druh *A. odoratum* s. str.

Stanovení ploidních úrovní a velikostí genomu studovaných taxonů bylo prováděno pomocí průtokové cytometrie. K odhalení evolučních vztahů mezi taxony a jejich haplotypové diferenciace bylo použito sekvenování nekódujících úseků chloroplastové (*trnL-trnF*, *rpl32-trnL*) a jaderné (single-copy gen GBSSI) DNA.

Průtoková cytometrie odhalila druhově specifickou velikost genomu u většiny evropských taxonů, což umožňuje jejich nezávislé a objektivní určení. Navíc byl pomocí průtokové cytometrie objeven v literárních pramenech zmiňovaný, ale dosud pravděpodobně platně nepopsaný, diploidní mediteránní taxon, který by mohl být jedním z rodičovských druhů allotetraploidního druhu *A. odoratum* s. str. Jeho blízký vztah k ostatním diploidním druhům Mediteránu (jednoletým i vytrvalým) nicméně nedovoluje určit pravý původ genetické diverzity *A. odoratum* s. str. Druhým rodičovským taxonem je s největší pravděpodobností diploidní *A. alpinum* nebo jeho přímý předek. Tento poznatek je dobře doložen i molekulárními daty jak z chloroplastové, tak jaderné DNA. Analýzou genu GBSSI byla zjištěna velká míra diferenciace ve složení genomu jednotlivých jedinců téhož taxonu (zejména allotetraploidního *A. odoratum*), což nasvědčuje mnohonásobnému a polytopnímu vzniku.