

## **Abstrakt**

Práce se zabývá populační genetikou vybraných druhů rodu *Stylops* v rámci Evropy. V rámci tohoto rodu bylo analyzováno pět druhů za použití dvou přístupů – analýzy mikrosatelitů u druhu *Stylops ater* a u všech druhů analýzy mitochondriální DNA za použití genu cytochrom oxidáza I. Pro analýzu mikrosatelitových markerů byla použita jednak bayesovská klastrovací analýza a analýza ABC (Aproximate Bayesian Analysis). Mitochondriální markery byly zpracovány formou haplotypových sítí a analýzy populační historie prostřednictvím Bayesian skyline plots.

Byla zjištěna nečekaně nízká úroveň populační struktury u druhu *Stylops ater* s výrazně odlišnými populačními klastry na území Skandinávie a Pobaltí, které naznačují možnost období izolace těchto populací v minulosti, případně nedávnou expanzí a změnu frekvencí alel následkem malé velikosti populací.

Dále byla podpořena hypotéza časové segregace populací v rámci druhu *Stylops nevinsoni*, a to na základě rozdílného období letové aktivity několika druhů jejího hostitelů. U ostatních druhů byla prokázána buď segregace na základě rozdílných hostitelů (*S. mellitae*), případně na základě geografického rozšíření (*S.nassonowi*, *S.spreta*)

Zajímavým zjištěním je také detekce redukce velikosti populací v období před cca 8 000 až 2 000 lety, tedy v historicky velmi nedávné době.