

Fylogenetické studie polyploidního rodu *Curcuma* L.

SOUHRN

Tato práce je souhrnem mých dosavadních molekulárních studií rodu *Curcuma*, které probíhaly od roku 2007, a je těsně propojena s dříve započatými studii tohoto rodu z hlediska jeho taxonomie a nomenklatury (Jana Leong-Škorníčková, od roku 2000). Rod *Curcuma* patří díky své obrovské genetické rozmanitosti mezi nejproblematictější rody v rámci čeledi Zingiberaceae. Velká část této rozmanitosti vznikla díky speciálním procesům jako je hybridizace či polyploidizace. Neboť z povahy hybridizačních (ale i polyploidizačních) procesů jsou druhy rodu *Curcuma* často provázány síťovitými vztahy (narozdíl od běžných allopatrických speciálních procesů, kdy jeden druh vzniká pozvolným vylišením z jednoho předka), tyto vztahy lze zpětně odhalit zejména za použití tzv. molekulárních markerů. Náplní této práce je odhalení genetických vztahů v rámci rodu *Curcuma* a v rámci jeho jednotlivých vývojových linií, za účelem objasnění dlouhodobě nevyřešených taxonomických otázek.

První část práce je věnována obecnému úvodu shrnujícímu současný stav poznání rodu *Curcuma* a předchází části druhé, ve které jsou prezentovány čtyři případové studie. Jsou zde popsány základní charakteristiky rodu *Curcuma*, zejména znaky morfologické a cytologické, současné geografické rozšíření, či speciální procesy, které hrají hlavní roli v evoluci tohoto rodu, tj. hybridizace a polyploidizace. Jednotlivé metody použité v konkrétních studiích, tj. metoda AFLP a sekvenování různých částí jaderné i plastidové DNA, jsou krátce charakterizovány s důrazem na způsob analýzy dat tak, aby byl reflektován hybridní původ studovaných druhů. Dále jsou zde shrnuty a diskutovány základní výsledky napříč jednotlivými studii, které se jak materiálově, tak metodicky liší i prolínají.

V druhé části práce jsou prezentovány jednotlivé studie, které se zabývají fylogenetickými vztahy na různých úrovních příbuznosti druhů, t.j., vnitro-druhovými a mezi-druhovými vztahy, vnitro-rodovými vztahy a detailnější analýzou speciálních procesů na úrovni celého rodu.

Mezi hlavní výsledky této práce patří odhalení genetické struktury v rámci nejdiversifikovanější skupiny v rámci rodu, tj. v rámci podrodu *Curcuma*, a zhodnocení velikosti genomu jako užitečného taxonomického znaku (článek I). Dále byla odhalena fylogenetická struktura v rámci celého rodu *Curcuma*, v rámci které byly identifikovány čtyři hlavní genetické vývojové linie, které je možno klasifikovat do třech podrodů (článek II). Ve třetí studii (článek III) jsou zpracovány zejména výsledky studie předcházející, kdy jsou formalizována umístění a přesuny druhů, původně klasifikovaných v rozporu se současnými znalostmi, případně takových, které nebyly předtím klasifikovány vůbec. Výsledky čtvrté studie (článek IV) odhalují vztahy mezi čtyřmi hlavními vývojovými liniemi v rámci rodu a analyzují výskyt a vliv hybridizačních událostí mezi vzdáleně příbuznými druhy rodu *Curcuma*.