

Abstrakt (in Czech)

Genetická struktura perlooček druhového komplexu *Daphnia longispina* v evropských horských jezerech

Ve své práci jsem se zabývala genetickou strukturou populací perlooček z druhového komplexu *Daphnia longispina* v horských jezerech. Populace perlooček *D. longispina* a *D. galeata* byly analyzovány mitochondriálními (část genu pro 12S rRNA) a jadernými markery (devět mikrosatelitových lokusů). Většina práce byla provedena v Tatrách, kde jsem porovnávala genetickou strukturu populací komplexu *D. longispina*, a to mezi dvěma částmi pohoří: Západními a Vysokými Tatrami. Dle variability mitochondriální DNA byla jezera kolonizována z různých zdrojových populací, zjištěná haplotypová diverzita byla vysoká a sdílení haplotypů bylo pouze v rámci Západních nebo Vysokých Tater. Tato pozorovaná genetická odlišnost mezi dvěma částmi pohoří naznačuje nízký genový tok a přetrvávající efekt zakladatele, což je v souladu s monopolizační hypotézou vysvětlující zdánlivý rozpor mezi značnou schopností disperze, ale zároveň značnými genetickými odlišnostmi mezi populacemi planktonních živočichů. Cyklická partenogeneze, tj. střídání pohlavního a nepohlavního rozmnožování během životního cyklu perlooček, může ovlivnit genetickou strukturu jejich populací. V první kapitole je popsán vliv strategie rozmnožování během nepříznivých podmínek (zda přezimují jako partenogenetické samice nebo jako dormantní vajíčka) na genetickou strukturu populací dvou blízce příbuzných druhů *D. galeata* a *D. longispina*. Detailní analýza ukázala, že populace druhů, žijící v podobných podmínkách prostředí (dimiktická horská jezera), vykazují odlišnou genetickou strukturu v závislosti na výběru strategie přezimování. Následující kapitola je zaměřena na změny v taxonomickém složení populací perlooček r. *Daphnia* ve Štrbském plese za použití paleogenetických metod. Použitím primerů amplifikujících pouze krátké fragmenty studovaného mitochondriálního genu jsme vyřešili problém degradované genetické informace ze starých trvalých vajíček a mohli jsme určit druhy z 80 let starého materiálu.

Práci jsem rozšířila o studium populací perlooček r. *Daphnia* z vybraných evropských pohoří. Ve třetí kapitole byly srovnány tatranské populace druhových komplexů *Daphnia longispina* a buchanek *Eucyclops serrulatus* s populacemi z pohoří jihovýchodní Evropy. Ve všech studovaných pohořích s výjimkou Tater, kde mají oba druhové komplexy vyšší diverzitu, byl každý komplex zastoupen jedinci pouze jedné linie (jedna linie *Eucyclops* a *Daphnia longispina* sensu stricto). Dle odlišnosti sekvencí se dá usuzovat, že řada pohoří byla kolonizována oběma druhy několikrát, ale v několika případech lze usuzovat, že někde po jedné kolonizační události došlo následně k disperzi do okolních jezer. U perlooček *D. longispina* byla prokázána velká haplotypová diverzita, představující podstatnou proporcii známé haplotypové diverzity tohoto druhu. Mezi buchankami určenými jako *E. serrulatus* bylo rozlišeno celkem šest divergentních linií, což potvrzuje domněnku, že tento taxon představuje bohatý druhový komplex. Poslední část práce se zabývá genetickou a fylogeografickou strukturou populací *D. longispina* v Pyrenejích. Diverzita v této oblasti je převážně výsledkem jedné kolonizační události. Ukázalo se, že po kolonizaci zde genový tok probíhal pouze v omezené míře, a že efekt priority měl hlavní vliv na genetickou strukturu zdejších populací. Podle výsledků z východoevropských hor a Pyrenejí je patrné, že kryptické linie studovaných skupin zooplanktonu nejsou v horských jezerech příliš běžné, jak by se dalo usuzovat ze situace v tatranských jezerech. Přesto jsou populace horského zooplanktonu vhodným objektem pro studium procesů ovlivňujících diverzitu na různých úrovních, od koexistence klonů až po interakce mezi příbuznými druhy.