



**Konference České botanické společnosti**

**Systematika, ekologie i floristika  
ve světle průtokové cytometrie**

Praha, 24. – 25. listopadu 2018

**Sborník abstraktů**

Praha, 2018

Systematika, ekologie i floristika ve světle průtokové cytometrie, Praha 24. – 25. listopadu 2018. Konference České botanické společnosti. Sborník abstraktů.

Přípravný výbor: Tomáš Urfus, Michal Hroneš, Vladislav Kolarčík, Filip Kolář, Petr Koutecký, Magdalena Lučanová, Pavel Trávníček, Pavel Veselý a Petr Vít.

Konference je pořádána ve spolupráci se Slovenskou botanickou společností. Partnerem konference je Česká společnost pro analytickou cytometrii.

Věnováno památce Jana Sudy, světově uznávaného průkopníka průtokové cytometrie rostlin.

Sestavila: Romana Štěpánková

Text neprošel jazykovou revizí.

Vydala Česká botanická společnost, z. s., Benátská 2, 128 01 Praha 2.  
Tel. 221 951 664, sekretariat@botanospol.cz, <https://botanospol.cz>  
ISBN: 978-80-86632-63-6

Konference České botanické společnosti  
Systematika, ekologie i floristika ve světle průtokové cytometrie, Praha, 24. – 25. 11. 2018

Obsah

Program konference.....	3
Abstrakty.....	7



## Program

### Sobota 24. listopadu 2018

- 8:30           **Registrace účastníků**  
(konferenční poplatek 400 Kč, členové ČBS a SBS 200 Kč, hradí se převodem na účet ČBS)
- 9:30           Zahájení konference (úvodní slovo předsedy ČBS a organizátorů konference)
- Obecné – využití a principy FCM (moderuje T. Urfus)**
- 9:40           **Jaroslav Doležel:** Tisíc a jedno využití průtokové cytometrie v biologii rostlin
- 10:10          **Petr Koutecký:** Průtoková cytometrie – jak (ne)funguje a co nám (ne)může ukázat
- 10:30          **Milan Štech, Martin Lepší, Magdalena Lučanová & Petr Koutecký:** Průtoková cytometrie jako mocný nástroj v rukách floristů
- 10:50          **přestávka**
- Evoluční biologie (moderuje P. Veselý a M. Lučanová)**
- 11:10          **Martin Čertner, Pavel Kúr, Hana Ryšavá, Eliška Fenclová, Šárka Hořčicová, Anna Krahulcová, Dora Čertnerová, Filip Kolář, Petr Koutecký & Jan Suda:** Častá koexistence diploidů a tetraploidů v populacích heřmánkovce nevonného (*Tripleurospermum inodorum*), její evoluční příčiny a důsledky
- 11:40          **Vladislav Kolarčík, Valéria Kocová & Dominika Vašková:** Průtoková cytometria v reprodukčnobiologickom výskume asymetricky sa kompenzujúcich alopolyploidov v rodoch *Rosa* a *Onosma*
- 12:00          **Karol Marhold, Marek Šlenker, Judita Zozomová-Lihová, Stanislav Španiel, Katarína Skokanová & Terezie Mandáková:** Průtoková cytometria a cytogenomika v zložitých polyploidných komplexoch: príklady z rodu *Cardamine*
- 12:20          **Pavol Meredá jr., Monika Majerová, Lajos Somlyay & Iva Hodálová:** Veľkosť genómu stredoeurópskych zástupcov rodu *Sesleria* (Poaceae): užitočný znak pri identifikácii morfológicky podobných taxónov
- 12:40          **oběd**
- 14:00          **prezentace posterů**
- 15:00          **Libor Ekrť, Jan Ptáček, Ondřej Horných & Tomáš Urfus:** Od spor po sporofyty: využití průtokové cytometrie v biosystematice kapradňorostů
- 15:20          **Petr Bureš, František Zedek, Jakub Šmerda, Pavel Veselý & Klára Plačková:** Jak pomocí cytometrie odhalit, k čemu jsou rostlinám holocentrické chromosomy – od tolerance k fragmentaci ke kolonizaci souše před půl miliardou let
- 15:40          **Magdalena Lučanová, João Loureiro & Jan Suda:** Pozoruhodnost pampelišek (*Taraxacum*) platí i pro velikost genomu

**Biodiverzita (moderuje M. Hroneš)**

- 16:00 **Petr Vít:** Jak přispěla průtoková cytometrie ke studiu chráněných a ohrožených druhů rostlin v posledních desetiletích?
- 16:20 **Lucie Kobrlová, Michal Hroneš, Petr Koutecký, Filip Kolář, Milan Štech & Bohumil Trávníček:** Jak průtoková cytometrie ukázala, že jeden kostival jsou ve skutečnosti dva (nebo víc?)
- 16:40 **Jiří Malíček, Tereza Veselská & Jan Vondrák:** Využití průtokové cytometrie při studiu ekologie a funkčních znaků lišejníků
- 17:00 **přestávka**
- 17:10 **Valné shromáždění ČBS**  
Program Valného shromáždění:  
1. Zpráva o činnosti ČBS za rok 2017  
2. Zpráva o hospodaření za rok 2017  
3. Zpráva revizní komise  
4. Vyhlášení ceny Josefa Holuba mladým autorům za rok 2017  
5. Volba volební komise  
6. Různé

**Neděle 25. listopadu 2018**

**Ekologie (moderuje V. Kolarčík)**

- 9:00 **Petr Šmarda:** Velikost genomu a genomický obsah GC bazí české flóry a jejich ekologický význam
- 9:25 **Tomáš Herben:** Ekologické souvislosti velikosti genomu: velikost genomu a populační biologie
- 9:35 **Martin Duchoslav, Lenka Šafářová, Michaela Jandová, Martina Fialová & Kateřina Vojtěchová:** Polyploidní komplex česneku planého (*Allium oleraceum*): Pandořina skříňka problémů a jak z toho ven
- 9:55 **Zuzana Münzbergová:** Ploidie rostlin jako faktor řídící chování rostlinných populací a jejich interakce s dalšími organismy
- 10:15 **Viktorie Brožová, Petr Koutecký & Jiří Doležal:** Zvyšuje se frekvence výskytu apomixie rostlin s nadmořskou výškou?
- 10:35 **přestávka - prezentace posterů**

**Systematika a evoluční biologie (moderuje P. Vít)**

- 11:00 **Jana Nosková & Juraj Paule:** Odhalení reprodukčních strategií rostlin pomocí průtokové cytometrie
- 11:20 **Roswitha Schmickl, Kenneth Oberlander, Vojtěch Zeisek, Hanna Schneeweiss, Eve Emshwiller, Leanne Dreyer, Aaron Liston & Jan Suda:** Massive polyploidization but no obvious role for polyploids in the radiation of southern African *Oxalis* L.: insights from phylogenomics and cytogenetics

11:40 **Jan Prančí**, Petr Koutecký, Pavel Trávníček, Vlasta Jarolímová, Magdalena Lučanová, Eva Koutecká, Johana Hanzlíčková & Zdeněk Kaplan: Cytotypová variabilita, kryptická diverzita a hybridizace u lakušníků (*Ranunculus* sect. *Batrachium*)

12:00 **Ester Michálková**, Jakub Šmerda, Aleš Knoll & Petr Bureš: *Cirsium xsudae* – nový mezidruhový kříženec vzácných alpských pcháčů

12:20 **Zakončení konference**

### Postery

Magdaléna Folbrová, Kristýna Šemberová & Roswitha E. Schmickl: Horské endemické zvonky z *Campanula rotundifolia* agg. se více liší velikostí genomu a původem než morfologicky

Jakub Hojka: Introgresní zóna druhů *Arabidopsis petraea* a *A. arenosa* ve střední Evropě

David Horák, Michal Hroneš, Lucie Koblrová & Bohumil Trávníček: Vztah ploidie a životnosti pylu u *Gagea bohemica* agg.: co naznačují dosavadní analýzy?

Michal Hroneš, Barbora Píchalová, Gergely Király, Klára Štolfová & Bohumil Trávníček: Mezidruhová hybridizace v rodu snědek (*Ornithogalum*, Hyacinthaceae) v Panonské nížině

Michal Hroneš, Lucie Koblrová, András István Csátho & Gergely Király: *Gagea pratensis* s. lat. (Liliaceae) v Panonské nížině: cytogeografie a koexistence cytotypů na různých prostorových škálách

Jana Jičínská, Radka Rosenbaumová & Zuzana Münzbergová: Úloha vzácných cytotypů v populacích hvězdnice chlumní (*Aster amellus* L.)

Lenka Macková, Jana Nosková, Ľuba Ďurišová & Tomáš Urfus: Insight into the cytotype and reproductive puzzle of Western Carpathian *Cotoneaster integerrimus*

Hana Němečková, Karol Krak & Jindřich Chrtek, jun.: Cytotypová variabilita druhu *Libanotis pyrenaica* (Apiaceae)

Ondřej Popelka, Michaela Konečná, Lucie Koblrová & Martin Duchoslav: Není orsej jako orsej: pohled na cytotypovou variabilitu a variabilitu ve velikosti genomu rodu orsej (*Ficaria*) na velké prostorové škále

Ondřej Popelka, Michal Sochor, Pavla Šíková, Bohumil Trávníček & Martin Duchoslav: Hybridizace mezi diploidní *Ficaria calthifolia* a tetraploidní *F. verna* subsp. *verna* ve střední Evropě

Terezie Šimáková, Zuzana Münzbergová & Věroslava Hadincová: Faktory ovlivňující rozšíření *Anthoxanthum odoratum* a *A. alpinum*

Barbora Šingliarová, Diego Hojsgaard & Patrik Mráz: Rates and pathways of (neo)autopolyploid formation in natural populations of *Pilosella rhodopea* (Asteraceae).

Katarína Skokanová, Judita Kochjarová, Barbora Šingliarová & Juraj Paule: Velikost genómu v dvoch homoploidných komplexoch z čeľade Asteraceae

Andrea Veselá, Věroslava Hadincová, Vigdis Vandvik & Zuzana Münzbergová: Changes in temperature and moisture and maternal effects interact to determine germination of a clonal grass

Kateřina Vojtěchová, Michaela Jandová, Miloslav Kitner, Martina Oulehlová & Martin Duchoslav: Polyploidní komplex česneku latnatého (*Allium paniculatum* L.) a jeho příbuzenstvo (*Allium* sekce *Codonoprasum* Reichenb.): budou se přepisovat klíče?





## Abstrakty

(řazeny abecedně podle příjmení autorů)

### Přednáška

#### Zvyšuje se frekvence výskytu apomixie rostlin s nadmořskou výškou?

Viktorie Brožová<sup>1,2</sup>, Petr Koutecký<sup>1</sup> & Jiří Doležal<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF JU, Branišovská 1760, 370 05 České Budějovice; viktorie.brozova@seznam.cz,  
kouta@prf.jcu.cz

<sup>2</sup>Botanický ústav AV ČR, Dukelská 135, 379 01 Třeboň; jiriddolezal@gmail.com

Apomixie je specifický způsob rozmnožování rostlin prostřednictvím nepohlavně vzniklých semen a je charakteristická pro určité rostlinné čeledě. Dlouhá desetiletí se předpokládalo, že v jistých nepříznivých podmínkách je apomixie výhodnější než sexuální rozmnožování. Těmito podmínkami se zpravidla myslí vysoká nadmořská výška a zeměpisná šířka, kde je rozmnožování limitováno krátkou vegetační sezónou, nízkými teplotami a nestabilním počasím, s čímž souvisí i omezený počet a nízká aktivita opylovačů. Tato hypotéza však dosud nebyla dostatečně studována, což jsme se pokusili napravit. Vzorky semen krytosemenných rostlin pro naši studii pocházely z velmi extrémních podmínek oblasti Ladakh, který leží v SZ indických Himalájích. V této oblasti se nachází nejširší alpský pás světa (2800–6150 m n. m.) a rostliny zde dosahují svého výškového limitu rozšíření. Semena jsme analyzovali pomocí průtokového cytometru („flow cytometric seed screening“ – FCSS), který dokáže určit poměr mezi velikostmi genomu embrya a endospermu. Celkem jsme nasbírali data pro 270 druhů z 47 čeledí; z toho bylo pouze 12 druhů apomiktických. Většina apomiktů pocházela z čeledí Poaceae (rody *Festuca*, *Poa* a *Stipa*), Ranunculaceae (*Halerpestes* a *Ranunculus*) a Rosaceae (*Potentilla*), což jsou čeledě s velmi častým výskytem apomixie. Mimo zmíněné čeledě je apomixie charakteristická ještě pro Asteraceae, u kterých jsme apomixii neobjevili. Velmi zajímavým se ukázal apomiktický druh *Biebersteinia odora*, u kterého nebyla apomixie dosud známá. Vzhledem k nízkému počtu apomiktických druhů a k jejich druhovému zastoupení je zřejmé, že apomixie není vázaná na vysoké nadmořské výšky, ale spíše na taxonomickou příbuznost ke skupině s afinitou k apomixii.

## Přednáška

### **Jak pomocí cytometrie odhalit, k čemu jsou rostlinám holocentrické chromosomy – od tolerance k fragmentaci ke kolonizaci souše před půl miliardou let**

Petr Bureš, František Zedek, Jakub Šmerda, Pavel Veselý & Klára Plačková

*Ústav botaniky a zoologie PŘF MU, Kotlářská 2, 611 37 Brno;  
bures@sci.muni.cz, fzedek@gmail.com, jsmerda@seznam.cz, veselypavel@centrum.cz,  
460385@mail.muni.cz*

Holocentrická strukturní chromozomální alternativa vznikla vedle monocentrické nezávisle v řadě linií Eukaryot: Cyperaceae, Juncaceae, *Drosera*, *Myristica*, *Cuscuta*, motýli, vážky, hlístice, stonožkovci, roztoči, .... Protože opakovaně v evoluci vzniká jen to, co je výhodné, měla by taková adaptivní výhoda holocentrických chromosomů být časem odhalena, pokud nějaká existuje. Poté, co jsme vyvinuli cytometrickou metodu detekce chromosomálního holocentrismu, založenou na analýze nárůstu endopolyploidie v rostlinách po gama-ozáření, dospěli jsme k závěru, že nejen tolerance ke gama paprskům, ale také tolerance k záření ultrafialovému, může hledanou výhodu holocentriků představovat. Jelikož nejméně čtyři holocentrické linie bezobratlých stály za opakovanými nezávislými kolonizacemi souše živočichy v kambriu až siluru a sesterská linie všech terestrických rostlin – Zygnematophyceae – jsou řasy s holocentrickými chromosomy, napadlo nás, že tím klíčovým okamžikem, kdy se výhoda holocentrismu mohla projevit nejsilněji, bylo právě opuštění vodního prostředí rostlinami před půl miliardou let, které bylo z jejich pohledu vlastně největším skokovým nárůstem UV v jejich evoluci vůbec. Provedli jsme řadu měření na téměř třítisícimetrovém altitudinálním gradientu v Alpách, ale i v relativně jednoduchých podmínkách experimentů, které za nás opakovaně s UV zářením a rostlinami udělala příroda v podmínkách České republiky sama. Výsledky ukazují, že rostliny s holocentrickými chromosomy opravdu UV tolerují lépe!

## Přednáška

### **Častá koexistence diploidů a tetraploidů v populacích heřmánkovce nevonného (*Tripleurospermum inodorum*), její evoluční příčiny a důsledky**

Martin Čertner<sup>1,2</sup>, Pavel Kúr<sup>3</sup>, Hana Ryšavá<sup>1</sup>, Eliška Fenclová<sup>1</sup>, Šárka Hořčicová<sup>2,4</sup>, Anna Krahulcová<sup>2</sup>,  
Dora Čertnerová<sup>1</sup>, Filip Kolář<sup>1,2</sup>, Petr Koutecký<sup>4</sup> & Jan Suda (+)

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2, m.hanzl87@gmail.com

<sup>2</sup>Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice

<sup>3</sup>Botanické oddělení, Národní muzeum, Cirkusová 1740, 193 00 Praha 9

<sup>4</sup>Katedra botaniky PŘF JU, Branišovská 1760, 370 05 České Budějovice

Cytotypově smíšené populace, složené z jedinců dvou a více různých ploidních úrovní, jsou jakýmsi „přírodními laboratořemi“, které nám umožňují studovat proces vzniku nových polyploidních druhů. Nicméně koexistence diploidů s polyploidy může být zároveň i příležitostí ke genovému toku přes reprodukční bariéru odlišné ploidní úrovně, což je proces, o jehož frekvenci v přírodě a evolučním potenciálu není příliš známo. Abychom získali nový náhled do této problematiky, zahájili jsme podrobný výzkum populací heřmánkovce nevonného (*Tripleurospermum inodorum*), běžné jednoleté rostliny vázané na lidskou činnost narušovaná stanoviště.

V rámci intenzivního cytotypového průzkumu jsme průtokovou cytometrií stanovili ploidní úroveň více než 11 tisíc jedinců z 1209 populací tohoto druhu napříč střední Evropou. Koexistence diploidů a tetraploidů se ukázala být překvapivě častá, na větších prostorových škálách se projevovala mozaikovitou strukturou kontaktní zóny cytotypů, na menších škálách pak častým výskytem cytotypově smíšených populací, které v některých oblastech dosahovaly frekvence až 43 %. Značné rozdíly ve velikosti monoploidního genomu těchto cytotypů svědčí o sekundárním původu kontaktní zóny a zároveň umožnily detekci nových polyploidních mutantů prostřednictvím standardních cytometrických analýz. Polyploidní mutanti byli extrémně vzácní, vyskytovali se jednotlivě a nezaznamenali jsme jejich další šíření.

V cytotypově smíšených populacích se relativně často vyskytují triploidní hybridy, kteří jsou částečně fertillní, přispívají ke vzniku aneuploidů, a potažmo ke značné variabilitě v množství jaderné DNA na úrovni potomstva. Prostřednictvím manipulovaných přenosů pylu mezi různými euploidními a aneuploidními rodiči jsme studovali reprodukční interakce mezi cytotypy a jejich potenciál pro genový tok. Výsledky opylovacího experimentu ukázaly, že triploidní a aneuploidní rostliny mohou produkovat životaschopné (převážně aneuploidní) potomstvo, ale zároveň v menší míře i diploidy a tetraploidy, a tak teoreticky přispívat k přenosu genů mezi těmito cytotypy. K potvrzení našich předpokladů jsme ve třech regionech s častým výskytem obou cytotypů odebrali diploidní a tetraploidní jedince z cytotypově smíšených i uniformních populací a podrobili je molekulárně genetickým analýzám.

## Přednáška

### Tisíc a jedno využití průtokové cytometrie v biologii rostlin

Jaroslav Doležel

*Ústav experimentální botaniky AV ČR, Centrum regionu Haná pro biotechnologický a zemědělský výzkum, Šlechtitelů 31, 783 71 Olomouc; dolezel@ueb.cas.cz*

Metoda průtokové cytometrie byla vyvinuta pro rychlou analýzu velkých populací krevních buněk člověka. Zpočátku se využívala pro stanovení obsahu jaderné DNA a studium kinetiky buněčného cyklu; od 80. let dvacátého století až dodnes pak především pro detekci povrchových antigenů buněk pomocí fluorescenčně značených protilátek. Zavedení této metody znamenalo revoluci v imunologii, hematologii, patologii a onkologii a dalších oblastech biomedicínského výzkumu a praxe. Možnost analyzovat fluorescenci a rozptyl světla mikroskopických částic rychlostí mnoha tisíc za sekundu lákala také rostlinné biology. Jejich snahy o využití průtokové cytometrie ale narážely na problémy s izolací buněk. Jejich nepravidelný tvar a autofluorescence uplatnění této metody v podstatě znemožňovaly. Ke zlomu došlo začátkem 80. let minulého století, kdy David Galbraith, nestor průtokové cytometrie rostlin, publikoval geniálně jednoduchou metodu izolace buněčných jader z rostlinných pletiv. Ta umožnila stanovovat s vysokou přesností obsah DNA ve velkých populacích jader a určovat velikost jaderného genomu, ploidii a rozsah endopolyploidie. Protože je možné izolovat dostatečné počty jader i z miligramových množství pletiv, metoda je nedestruktivní a protože pro stanovení ploidie nejsou potřebné dělicí se buňky, průtoková cytometrie nabídla botanikům dosud nevídané možnosti. K explozi aplikací v taxonomii, biosystematice a populační biologii významně přispěl Jan Suda, který jako jeden z prvních pochopil, jaké možnosti tato metoda botanikům nabízí a založil světově uznávanou školu. Analýza obsahu jaderné DNA dodnes představuje většinu aplikací průtokové cytometrie v biologii rostlin a našla významné uplatnění i v praxi, především ve šlechtění některých plodin. Problémy s pevnou buněčnou stěnou lze také vyřešit jejím odstraněním pomocí hydrolytických enzymů. Analýza a třídění takto získaných protoplastů pomocí průtokové cytometrie umožňuje získávat produkty somatické hybridizace a také hodnotit expresi genů a přítomnost růstových regulátorů v buňkách vybraných pletiv. Protoplasty je také možné v hypotonickém roztoku lyzovat a izolovat buněčné organely, zejména jádra a plastidy. Potenciál tohoto přístupu pro studium chloroplastů však nebyl dosud využit. Speciální aplikací průtokové cytometrie představuje analýza a třídění mitotických chromozomů. Využití izolovaných chromozomů usnadňuje sestavování sekvencí složitých genomů rostlin, mapování a izolaci důležitých genů.

## Přednáška

### **Polyploidní komplex česneku planého (*Allium oleraceum*): Pandořina skříňka problémů a jak z toho ven**

Martin Duchoslav<sup>1</sup>, Lenka Šafářová<sup>1,2</sup>, Michaela Jandová<sup>1,3</sup>, Martina Fialová<sup>1</sup>, Alena Lepší<sup>1</sup> & Kateřina Vojtěchová<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF UP, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc; martin.duchoslav@upol.cz,  
katka.vojtechova@seznam.cz

<sup>2</sup>Východočeské muzeum Pardubice; safarova@vcm.cz

<sup>3</sup>Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; jandova2michaela@gmail.com

Česnek planý (*Allium oleraceum* L.) je jedním ze dvou nejběžnějších druhů rodu *Allium* na území Evropy, kde osídluje široké spektrum přirozených až antropických stanovišť. Je nápadný tím, že jeho květenství je uschováno ve vytrvalém dvoucípém toulci s nestejně dlouhými cípy a vždy obsahuje velký počet pacibulek a různý počet (0–50) květů. Již před 80 lety bylo zjištěno, že se jedná o tetraploidní druh, a řada pozdějších autorů doložila, že jde o polyploidní komplex čtyř cytotypů ( $2n = 3x, 4x, 5x, 6x$ ). Česnek planý je také jediným druhem, který pokrývá celý severní okraj areálu sekce *Codonoprasum*, kam je spolu s dalšími desítkami, převážně diploidních druhů, řazen. Kombinace velkého areálu druhu na styku s řadou příbuzných diploidních druhů, polyploidie, výrazné převahy asexuální reprodukce, avšak se zachováním částečného sexuálního rozmnožování, a zčásti ruderální charakter představuje v rámci sekce *Codonoprasum* dosti jedinečnou situaci. Přednáška referuje o doposud získaných i dosud nepublikovaných výsledcích získaných během deseti let studia různých aspektů biologie, ekologie a evoluce tohoto polyploidního komplexu s výrazným využitím průtokové cytometrie. Studium komplexu v prostoru střední Evropy potvrdilo existenci 4 ploidních stupňů, nicméně byla rozkryta složitá cytotypová struktura s výrazným zastoupením cytotypově smíšených populací s dominancí pentaploidů (poměrně neobvyklá situace) na různých prostorových škálách od metrů po krajinu. Studium různých aspektů ekologie cytotypů ukázalo na slabou stanovištní diferenciaci cytotypů, podobnou fenotypovou plasticitu, podobné parametry fotosyntézy a podobné kompetiční schopnosti. Cytotypy jsou si dosti podobné i morfologicky a neprojevuje se u nich tzv. *gigas* efekt. Genetická analýza populací a ploidní analýza potomstva cytotypů rostoucích v různých kombinacích s ostatními cytotypy ukázala, že smíšené populace cytotypů jsou výsledkem sekundárních, ale i primárních kontaktů, a byl prokázán genový tok mezi cytotypy. Rozšíření studia na celoevropskou škálu ukázalo na mnohem složitější cytogeografickou strukturu (zjištěny další cytotypy:  $2n = 7x, 8x$ ); výrazný geografický (longitudinální) gradient velikosti genomu u tetra- a pentaploidů, ale ne u hexaploidů; klinální morfologickou variabilitu ve směru V-Z a výraznější genetickou diferencovanost (AFLP) populací některých cytotypů (4x, 5x, ale ne 6x) ze západní Evropy oproti jejich středo- a východoevropským populacím. Tyto dosud nepublikované výsledky ukazují, že česnek planý je patrně polyfyletický taxon, který vznikl několikrát hybridizací příbuzných a morfologicky si velmi podobných, ale různých diploidních taxonů sekce *Codonoprasum* a následnou polyploidizací.

## Přednáška

### Od spor po sporofyty: využití průtokové cytometrie v biosystematice kaprad'orostů

Libor Ekrť<sup>1</sup>, Jan Ptáček, Ondřej Horných & Tomáš Urfus<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF JU, Branišovská 1760, 370 05 České Budějovice; libor.ekrt@gmail.com

<sup>2</sup>Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2; tomas.urfus@natur.cuni.cz

Studium reprodukčních strategií a následné evoluce kaprad'orostů se mnoha ohledech liší od semenných rostlin. Permanentní metodickou výzvou představuje zejména prostorově a nutričně nezávislý gametofyt, jako jedinečný typ životní fáze mezi cévnatými rostlinami. Podobně jako u semenných rostlin, patří mezi převažující zdroje variability kaprad'orostů polyploidie, hybridizace a velmi různorodé reprodukční strategie. K jejich výzkumu zcela průlomovým způsobem přispěla za posledních ca 10–15 let právě průtoková cytometrie.

Význam homoploidní hybridizace lze názorně ilustrovat na trojici evropských zástupců rodu *Diphasiastrum*. Jejich absolutní velikost genomu se liší natolik, že mohla být jejím prostřednictvím indikována vysoká míra hybridizace včetně předpokládané introgrese (zpětného křížení). Frekvence hetero- i homoploidní hybridizace byla experimentálně studována na formalizovaných plochách výskytu třech zástupů *Dryopteris carthusiana* agg. Zdá se, že se taxony nehybridizují zcela náhodně může to mít určité asymetrické zákonitosti.

Stále existují skupiny kaprad'orostů, jejichž cytotypová variabilita je neprozkoumaná a může být velmi překvapivá. Studium jedinců *Huperzia selago* agg. v Evropě je v současné době odhalováno pestré zastoupení cytotypů na gradientu nadmořské výšky a zeměpisné šířky.

Až na zcela ojedinělé (a často nejasné) případy se dosud předpokládalo, že kapradiny nejsou fakultativně apomiktické. Při studiu agregátu *Cystopteris fragilis* považovaného za sexuální, došlo k překvapivým výsledkům. Vybrané taxony byly podrobeny experimentální kultivaci a srovnáním ploidní úrovně sporofytů a gametofytů byl prakticky poprvé zachycen proces polyploidizace a popsána struktura fakultativně apomiktické skupiny výtrusných rostlin. Byly odhaleny značně odlišné reprodukční strategie a zachycena výjimečná heteroploidní hybridizace.

Křížení sexuálních a obligátně apomiktických druhů nemusí být slepá evoluční ulička, ale patrně evoluční adaptace. Překvapivé výsledky přineslo studium výtrusů a jedinců vzniklých z křížení apomiktických zástupců *Dryopteris affinis* skupiny se sexuální *Dryopteris filix-mas*.

Průtoková cytometrie je tedy velmi účinným a dosud ne zcela doceněným nástrojem moderní pteridologie a zcela jistě přinese v následujících letech další překvapivá zjištění.

## Poster

### Horské endemické zvonky z *Campanula rotundifolia* agg. se více liší velikostí genomu a původem, než morfologicky

Magdaléna Folbrová, Kristýna Šemberová & Roswitha Schmickl

Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2; magdalenafolbrova@seznam.cz

Endemické cévnaté rostliny jsou malou, avšak fytogeograficky a evolučně velmi cennou částí naší květeny. Většinou se jedná o neoendemity, které se od příbuzných druhů diferencovaly během mladších čtvrtohor. Druhy pod vlivem klimatických změn migrovaly a na některých lokalitách se zachovaly izolované populace. Ty se dále pod vlivem alopatrické speciace a odlišných ekologických podmínek vyvíjely v samostatné taxony. V polyploidním komplexu *Campanula rotundifolia* agg. je z horského prostředí popsáno několik endemitů. Vzhledem k extrémním klimatickým podmínkám může docházet k morfologické konvergenci rostlin izolovaných v různých pohořích. Pro tetraploidní endemické zvonky (*C. scheuchzeri* Vill. v Alpách, *C. bohémica* Hruby v Krkonoších, *C. rotundifolia* subsp. *sudetica* Kovanda v Krkonoších a Hrubém Jeseníku a *C. tatrae* Borbás v západních Karpatech) je tudíž velmi těžké rekonstruovat jejich evoluční původ. Vzájemná morfologická podobnost vysokohorských populací a stejný ploidní stupeň naznačuje vikarianci areálu původního předka. Nicméně vysokohorské endemity mohou být i autopolyploidního původu (*C. bohémica*, *C. rotundifolia* subsp. *sudetica*) z lokální diploidní *C. rotundifolia* či lokálně adaptované původně nížinné druhy (tetraploidní *C. rotundifolia* a *C. tatrae*). Při hodnocení morfologicky podobných či přechodných jedinců je nezastupitelnou metodou průtoková cytometrie, která umožňuje určit DNA-ploidii i velikost genomu vzorku za použití jen malého množství materiálu. V rámci čtyř endemických taxonů byly pomocí průtokové cytometrie na základě velikosti genomu vylišeny tři skupiny (*C. scheuchzeri* (3,9 – 4 pg), *C. bohémica* (4,2 – 4,4 pg), *C. rotundifolia* subsp. *sudetica* + *C. tatrae* + *C. rotundifolia* L. (4,3 – 4,6 pg). Pomocí mnohorozměrných morfometrických analýz byly nalezeny znaky korelované s velikostí genomu a důležité pro určení jednotlivých skupin a taxonů. Příbuzenské vztahy mezi skupinami s odlišnou velikostí genomu byly odhaleny sekvenací cpDNA. Výsledky ukazují, že vysokohorské prostředí bylo kolonizováno dvěma různými způsoby ze dvou odlišných refugií a u geneticky odlišných a prostorově izolovaných linií s odlišnou velikostí genomu došlo k paralelní evoluci velmi totožného morfotypu.

## Přednáška

### Ekologické souvislosti velikosti genomu: velikost genomu a populační biologie

Tomáš Herben<sup>1,2</sup>, Zdeněk Janovský<sup>1,2</sup> & Petr Šmarda<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; herben@site.cas.cz*

<sup>2</sup>*Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2*

<sup>3</sup>*Ústav botaniky a zoologie PŘF MU, Kotlářská 2, 611 37 Brno*

Mezi význačné fenotypové projevy velikosti genomu patří vliv na rychlost dělení buněk a z toho vyplývající důsledky pro rychlost individuálního růstu jedinců. V předloženém příspěvku se chceme věnovat zatím nestudovanému jevu, totiž vlivu velikosti genomu na parametry populační biologie, zejména generační dobu a variabilitu růstové rychlosti. K tomu propojujeme dvě existující databáze, totiž právě dokončenou databázi velikostí genomů rostlin české flóry (na brněnském pracovišti), a databázi populačních projekčních matic střeoevropské flóry (vycházející z revidované verze databáze COMPADRE). To umožňuje dát do vztahu populační biologie, velikosti genomu a stupeň ploidie u téměř sta druhů a zjistit, zda zde existují další vztahy nad rámec dosud známého faktu, totiž že jednoleté druhy mají typicky malé genomy.



## Poster

### Introgresní zóna druhů *Arabidopsis petraea* a *A. arenosa* ve střední Evropě

Jakub Hojka

*Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2; jakub.hojka@seznam.cz*

Hybridizace, introgrese a polyploidizace, zejména ve vzájemných kombinacích, patří k nejdůležitějším speciálním procesům u vyšších rostlin. I když jsou základní rysy těchto procesů dobře známy, jejich konkrétní projevy se u jednotlivých skupin rostlin (nebo dokonce v konkrétních jednotlivých případech) do značné míry liší a jejich detailní studium přináší zajímavé výsledky. U rodu *Arabidopsis* je známo několik případů, kdy se speciace ubírala komplikovanou cestou hybridizace a polyploidizace (např. *A. kamchatica*, *A. suecica*) ale jsou známy i příklady, kde usuzujeme na introgresivní hybridizaci – tedy na hybridizaci provázenou genovým tokem (např. mezi *A. arenosa* a *A. lyrata*).

Druhy *A. arenosa* a *A. lyrata* jsou druhy dobře odlišené jak molekulárně, tak morfologicky, i přesto ale tvoří fertillní hybridy. Druhy se však normálně nekříží, protože jsou velmi jasně geograficky oddělené – druh *A. arenosa* má centrum diverzity v Karpatech, zatímco druh *A. lyrata* má na většině svého areálu cirkumarktické rozšíření, ve střední Evropě se nachází pouze řídce roztroušená reliktní populace. Ke styku obou druhů však dochází v předhůří Alp v Rakousku, odkud známe celou řadu hybridních populací. Hybridy jsou rozšířeny v oblasti mezi dvěma rodičovskými druhy a protože celou oblastí prochází klimatický gradient, jsou tak uvězněny v jisté zóně s intermediárním klimatem, zatímco rodičovské druhy jsou umístěny na pólech gradientu. Situaci ještě komplikuje cytometrická variabilita druhu *A. lyrata*, který v oblasti tvoří jak diploidní, tak tetraploidní populace.

V rámci své diplomové práce jsem provedl cytometrickou analýzu rodičovských i hybridních populací z oblasti, na kterou také navázala jejich molekulární a morfometrická analýza.

## Poster

### Vztah ploidie a životnosti pylu u *Gagea bohemica* agg.: co naznačují dosavadní analýzy?

David Horák, Michal Hroneš, Lucie Koblíková & Bohumil Trávníček

*Katedra botaniky PŘF UP, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc; david.horak1@seznam.cz, michal.hrones@gmail.com, lucka.koblíková@seznam.cz, bohumil.travnicek@upol.cz*

Křivatec český (*Gagea bohemica*) patří mezi variabilní a taxonomicky dosud ne zcela vyjasněné druhy střeoevropské flóry. Vyskytuje se v rozsáhlém, ale značně fragmentovaném areálu s těžištěm ve Středozeví. V rámci areálu je známa polyploidní řada od diploidů po hexaploidy. U populací ve střední Evropě se výrazně projevuje schopnost vegetativního rozmnožování. Naopak rozmnožování pomocí semen je velmi vzácné. Cílem naší studie bylo nastínit vztah mezi ploidií jedince, potažmo celé populace a schopností tvořit životný pyl. Ploidní úroveň rostlin byla stanovena metodou průtokové cytometrie. Barvitelnost (životnost) pylu byla stanovena pomocí modifikovaného Alexandrova barvení. Na území střední Evropy byly zjištěny dvě ploidy úrovně, a to tetraploidní ( $2n=4x=48$ ) a pentaploidní ( $2n=5x=60$ ). Dominoval pentaploidní cytotyp, který vytvářel čisté populace v České republice (Čechy i Morava), v Rakousku, na Slovensku a v Maďarsku. Tetraploidní cytotyp byl zaznamenán pouze v Německu, jižním Maďarsku a izolovaně také na Moravě. Cytotypově smíšené populace ( $4x$  a  $5x$ ) byly detekovány v Německu a jižním Maďarsku. Pentaploidní populace vykazovaly vysokou barvitelnost pylu (60–100 %), kdežto v čistě tetraploidních a smíšených populacích byla barvitelnost pylu u tetraploidů nápadně snižena (10–60 %). Snižená barvitelnost byla zjištěna také u pentaploidních rostlin v cytotypově smíšených populacích, avšak pouze v případě německých populací (10–50 %), zatímco jihomaďarské populace si barvitelnost pylu zachovávaly stále vysokou (70–90 %). Barvitelnost pylu tak nekoreluje se zjištěným ploidy stupněm. Rozdílné míry barvitelnosti pylu v cytotypově smíšených populacích z jižního Maďarska a Německa ukazují na odlišné mikroevoluční procesy v obou oblastech. Absence semen u pentaploidních rostlin není pravděpodobně dána samotnou schopností tvořit životaschopný pyl, ale pravděpodobně spíše nízkou genetickou variabilitou populací spojenou s inbrední depresí nebo s autoinkompatibilitou.

## Poster

### Mezidruhová hybridizace v rodu snědek (*Ornithogalum*, Hyacinthaceae) v Panonské nížině

Michal Hroneš<sup>1</sup>, Barbora Píchalová<sup>1</sup>, Gergely Király<sup>2</sup>, Klára Štolfová<sup>1</sup> & Bohumil Trávníček<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF UP, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc; michal.hrones@upol.cz

<sup>2</sup>Institute of silviculture and forest protection, University of Sopron, Bajcsy-Zs. u. 4., H-9400 Sopron, Hungary

Mezidruhová hybridizace je v rámci rodu *Ornithogalum* poměrně vzácným jevem. Na severu Panonské nížiny dochází ke křížení mezi fylogeneticky vzdálenými taxony rodu, snědkem hřebenitým (*O. boucheanum*) a zástupci okruhu snědku chocholičnatého (*O. umbellatum* agg.). Hybridní populace se vyskytují ve čtyřech geograficky izolovaných arelech: na jihovýchodní Moravě, na jižním a východním Slovensku a v severozápadním Maďarsku. Rostliny z českých a slovenských populací jsou nazývány *O. ×wildtii*, zatímco maďarské jsou obvykle rozeznávány jako samostatný endemický taxon *O. ×degenianum*. Hybridní rostliny jsou schopny se reprodukovat bez přítomnosti rodičovských taxonů a tvořit samostatné populace. Cílem této studie bylo za pomoci průtokové cytometrie porovnat velikost genomu a DNA-ploidii jednotlivých hybridních populací a na základě takto získaných poznatků se pokusit rekonstruovat evoluční vztahy mezi populacemi v rámci jednotlivých arelů a také mezi arely. Analyzovány byly také s hybridy sympatricky rostoucí populace jednotlivých potenciálních rodičovských druhů. Hybridní populace v rámci jednotlivých arelů se nelišily svou DNA-ploidii a nebyly příliš variabilní ani svou velikostí genomu. Naopak mezi arely se populace výrazně lišily. Všechny analyzované moravské rostliny byly DNA-triploidní, zatímco populace z jižního Slovenska a ze severozápadního Maďarska byly shodně DNA-tetraploidní. DNA-tetraploidní populace z Maďarska a Slovenska se však lišily svou velikostí genomu. V rámci studovaných maďarských populací byla navíc nalezena také poměrně značná variabilita ve velikosti genomu (9,5 %). Naše dosavadní výsledky naznačují, že hybridní rostliny v jednotlivých arelech vznikly nezávisle a také, že i v rámci jedné arely někdy mohou vznikat hybridní populace opakovaně (minimálně v maďarské arele). Ze získaných velikostí genomu hybridů a z analýzy DNA-ploidie jedinců *O. umbellatum* agg. rostoucích v okolí hybridních populací lze soudit, že se na vzniku hybridů mohlo podílet více taxonů z okruhu snědku chocholičnatého.

## Poster

### ***Gagea pratensis* s. lat. (Liliaceae) v Panonské nížině: cytogeografie a koexistence cytotypů na různých prostorových škálách**

Michal Hroneš<sup>1</sup>, Lucie Koblíková<sup>1</sup>, András István Csátho<sup>2</sup> & Gergely Király<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF UP, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc; michal.hrones@upol.cz

<sup>2</sup>Správa NP Körös-Maros, Anna-liget 1., H-5540 Szarvas, Maďarsko

<sup>3</sup>Institute of silviculture and forest protection, University of Sopron, Bajcsy-Zs. u. 4., H-9400 Sopron, Hungary

Okruh křivatce lučního (*Gagea pratensis* s. lat.) zůstává kvůli polyploidii a značné morfologické variabilitě taxonomicky komplikovanou skupinou. Společně s křivatcem nizoučským (*Gagea pusilla*), který považujeme za blízce příbuzný *G. pratensis* s. lat., jsou ze střední Evropy uváděny tři cytotypy: diploidní ( $2n=24$ , *G. pusilla*), tetraploidní ( $2n=48$ , *G. transversalis*) a pentaploidní ( $2n=60$ , *G. pratensis* s. str.). Cílem naší studie bylo stanovit zastoupení a rozšíření jednotlivých cytotypů ve střední Evropě, a zejména v Panonské oblasti, kde se vyskytují všechny tři cytotypy. Soustředili jsme se také na koexistenci cytotypů na různých škálách. Celkem jsme za pomoci průtokové cytometrie analyzovali 1875 rostlin z 165 populací pocházejících ze šesti zemí. Kromě již dříve uváděných cytotypů jsme objevili ještě dva další, triploidy a hexaploidy. Diploidní rostliny byly zjištěny jen v Panonské části střední Evropy. Triploidní rostliny byly dvojího typu: pravděpodobní autotriploidy, kteří jsou morfologicky blízcí *G. pusilla* a vzácně se vyskytují v jinak diploidních populacích, a pravděpodobní allotriploidy, kteří jsou podobní *G. transversalis* a vyskytují se ve smíšených populacích diploidů a tetraploidů. Tetraploidy se vyskytovali především na suchých stanovištích v klimaticky nejteplejších oblastech a představovali nejčastější cytotyp v oblasti východně od Dunaje. Pentaploidy a hexaploidy byli naopak nalezeni i ve vyšších polohách a také v chladnějších a vlhčích územích. Celkem jsme objevili 30 smíšených populací. Nejčastěji spolu rostli diploidy a tetraploidy, tetraploidy a pentaploidy, a také pentaploidy a hexaploidy. Předběžná analýza rostlin na malé prostorové škále ukázala, že pravděpodobní autotriploidy jsou velmi vzácní (0,6 % z 628 analyzovaných rostlin). Naopak pravděpodobní allotriploidy jsou mnohem běžnější (11 % ze 156 analyzovaných rostlin). Naše studie odhalila rozdílný areál rozšíření jednotlivých cytotypů *Gagea pratensis* s. lat. a bude sloužit jako podklad pro studium evolučních procesů a taxonomie této komplikované skupiny.

## Poster

### Úloha vzácných cytotypů v populacích hvězdnice chlumní (*Aster amellus* L.)

Jana Jičínská<sup>1</sup>, Radka Rosenbaumová<sup>1</sup> & Zuzana Münzbergová<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Botanické oddělení, Národní muzeum, Cirkusová 1740, 193 00 Praha 9; jana\_raabova@nm.cz,  
radka.rosenbaumova@seznam.cz

<sup>2</sup>Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice;  
zuzana.munzbergova@ibot.cas.cz

*Aster amellus* (Asteraceae) je vytrvalá bylina s euroasijským areálem. Ve střední Evropě se vyskytuje ve dvou cytotypech - diploidním (2x) a hexaploidním (6x). Oba cytotypy jsou na základě molekulárních analýz, hybridizačních experimentů a ekologických studií jasně separované s absencí genového toku. Dřívější cytometrická měření v populacích *Aster amellus* ve střední Evropě ukázala, že se v řadě populací kromě dominantního cytotypu (2x nebo 6x) vyskytují i další minoritní cytotypy (3x, 5x, 7x, 9x a aneuploidi). Naším záměrem je zhodnotit význam těchto minoritních cytotypů. Konkrétně si klademe následující otázky: 1. S jakou frekvencí tyto minoritní cytotypy v přirozených podmínkách vznikají?; 2. Dokáží minoritní cytotypy v populacích dlouhodobě přežívat a podílet se na jejich dalším vývoji, tzn. produkovat klíčivá semena a fertilní pyl schopný opylování?

V první fázi studia jsme se zaměřili na minoritní cytotypy v populacích hexaploidních rostlin. Naším záměrem bylo porovnat současnou situaci se stavem pozorovaným v minulosti. Na podzim 2017 jsme navštívili čtyři dříve studované populace, Nagycenk a Sopron v Maďarsku a Kalksburg a Strebersdorf v Rakousku. Na každé populaci jsme provedli odběr listů pro cytometrickou analýzu (22 až 35 vzorků na populaci) a nažek pro následný výsev. Ve třech populacích (Nagycenk, Kalksburg a Strebersdorf) jsme pozorovali zvýšenou diverzitu minoritních cytotypů u dospělých rostlin oproti předchozím studiím. Cytometrická analýza semenáčků ukázala, že rostliny s minoritním cytotypem jsou schopny produkovat klíčivé nažky - získali jsme heptaploidní semenáček z nonaplodní rostliny (9x) z populace Nagycenk. Rostliny s minoritním cytotypem se pravděpodobně uplatňují i jako otcovské rostliny, protože jsme zaznamenali jednoho heptaploidního (7x) a tři aneuploidní jedince mezi 6x a 7x v potomstvu hexaploidní mateřské rostliny.

## Přednáška

### Jak průtoková cytometrie ukázala, že jeden kostival jsou ve skutečnosti dva (nebo víc?)

Lucie Kobrlová<sup>1</sup>, Michal Hroneš<sup>1</sup>, Petr Koutecký<sup>2</sup>, Filip Kolář<sup>3</sup>, Milan Štech<sup>2</sup> & Bohumil Trávníček<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF UP, Šlechtitelů 23, 783 71 Olomouc; lucka.kobrlova@seznam.cz

<sup>2</sup>Katedra botaniky PŘF JU, Branišovská 1760, 370 05 České Budějovice

<sup>3</sup>Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2

Kostival hlíznatý (*Symphytum tuberosum*) představuje vysoce polyploidní, morfologicky variabilní a taxonomicky poměrně komplikovanou skupinu. Na území Československa byl tradičně uznáván pouze taxon *S. tuberosum*. Od osmdesátých let 20. století je na Slovensku rozlišován také k. úzkolistý (*S. angustifolium*), z našeho území však tento taxon nebyl nikdy uváděn. Nedávno provedená rozsáhlá cytologická revize středoevropských populací prokázala výskyt dvou hlavních cytotypů: tetraploidního ( $2n=4x=32$ ), jež náleží taxonu *S. angustifolium* a dodekaploidního ( $2n=12x=96$ ), který odpovídá taxonu *S. tuberosum*. Tyto dva cytotypy se od sebe zároveň odlišují svým rozšířením, ekologií a morfologií. Na základě výše zjištěného a s přihlédnutím na patrné morfologické a ekologické překryvy jsou nově v rámci k. hlíznatého na území ČR (a zároveň v celé střední Evropě) rozlišovány dva poddruhy: širokolistý, dodekaploidní k. hlíznatý pravý (*S. tuberosum* subsp. *tuberosum*) a úzkolistý, tetraploidní k. hlíznatý úzkolistý (*S. tuberosum* subsp. *angustifolium*). Nově vyčleněný poddruh k. hlíznatý úzkolistý je výrazně teplomilnější a osídluje prosvětlenější a sušší stanoviště jako jsou světlé listnaté lesy, sušší květnaté louky, křoviny a lesní lemy. Svým výskytem je vázán především na jihovýchodní Moravu (hojně Bílé Karpaty a Středomoravské Karpaty), okrajově zasahuje i do okolí Brna a na střední Moravu. V rámci celého areálu je však situace výrazně komplikovanější. Kromě výše uvedených dvou cytotypů jsme detekovali další tři hlavní ploidní stupně, všechny s určitou geografickou vazbou. Taxonů z okruhu k. hlíznatého tak patrně bude více.

## Přednáška

### **Prietoková cytometria v reprodukčnobiologickom výskume asymetricky sa kompenzujúcich alopolyploidov v rodoch *Rosa* a *Onosma***

Vladislav Kolarčík, Valéria Kocová & Dominika Vašková

Ústav biologických a ekologických vied, Katedra botaniky, Univerzita P. J. Šafárika v Košiciach,  
Mánesova 23, SK-04154 Košice; vladislav.kolarcik@upjs.sk, valeria.kocova@gmail.com,  
vaskova.nika610@gmail.com

Dvojité oplodnenie typické pre krytosemenné rastliny zahŕňa vznik embrya (nový jedinec) a endospermu (vyživovacie pletivo). Flow cytometry seed screen (FCSS) je technika založená na prietokovej cytometrii, ktorá umožňuje odhadnúť reprodukčné spôsoby rastlín porovnaním ploidných úrovní embrya a endospermu alebo ich pomerom (endosperm / embryo, pomerový index Pind). Pomer 1,5 indikuje sexuálne rozmnožovanie, zatiaľ čo vyššie hodnoty  $\geq 2,0$  sú charakteristické pre apomiktické rozmnožovanie. Hoci FCSS bola úspešne aplikovaná pri štúdiu sexuálnych a asexuálnych rastlín, obmedzenia a potenciál využitia FCSS pri štúdiu reprodukčných spôsobov hemisexuálnych rastlín doteraz neboli preskúmané. Jedným z príkladov hemisexuálnych rastlín sú asymetricky sa kompenzujúce alopolyploidy (ACAs), reprezentované napr. druhmi *Rosa canina* a *Onosma arenaria*. Obidva druhy obsahujú dva typy chromozómových sád. Jeden typ zahŕňa sexuálne chromozómy, ktoré v meióze tvoria bivalenty, zatiaľ čo druhý typ zahŕňa chromozómy, ktoré tvoria univalenty a tie sú dedené klonálne po materskej línii. Dedenie týchto dvoch typov chromozómov je zabezpečené asymetrickou meiózou, tá zabezpečuje elimináciu chromozómov tvoriacich univalenty z mikrospór a ich ponechanie v megaspórach. Toto odlišné správanie chromozómov v samčej a samičej meióze vyúsťuje do teoretickej Pind hodnoty, ktorá je odlišná od typicky sexuálnej hodnoty Pind = 1,5. V nedávnej práci bol určený pomer obsahu DNA buniek endospermu a embrya v semenách druhov *R. canina* a *O. arenaria* a porovnaný s výsledkami štúdia sexuálnych druhov. Priemerná hodnota Pind získaná analýzou niekoľkých desiatok semien bola podľa očakávaní 1,51, 1,52 a 1,52 v sexuálnych druhoch *Capsella bursa-pastoris*, *Crataegus monogyna* a *O. pseudoarenaria*. Pre asymetricky sa kompenzujúce alopolyploidy boli zistené odlišné hodnoty, pre *R. canina* bola zistená priemerná hodnota Pind = 1,82 a pre *O. arenaria* Pind = 1,61. Tieto hodnoty sú v súlade s teoretickými hodnotami Pind, ktoré boli vypočítané pre obidva druhy na základe modelov dedenia chromozómov. Táto práca zdôrazňuje precíznosť FCM meraní pri určení obsahu DNA v rastlinných bunkách ako základ pre rigorózný reprodukčnobiologický výskum. Na tomto mieste je potrebné vyzdvihnúť, že vysoké štandardy FCM meraní boli vždy doménou českej cytometrickej školy.

## Přednáška

### Průtoková cytometrie – jak (ne)funguje a co nám (ne)může ukázat

Petr Koutecký

*Katedra botaniky PŘF JU, Branišovská 1760, 370 05 České Budějovice; kouta@prf.jcu.cz*

Průtoková cytometrie je obecně řečeno metoda, která studuje optické vlastnosti částic (např. buněk, odtud cytometrie) unášených v proudu kapaliny (odtud průtoková) při průchodu paprskem světla, nejčastěji laseru. Konstrukce přístroje umožňuje, že částice jsou koncentrovány ve velmi úzkém svazku tak, že měříme parametry každé zvlášť. Metoda je hojně používána v medicíně – právě pro tyto účely je vyvinuta a neustále vylepšována, zatímco využití v botanice je spíše okrajové. Některé běžné aplikace (např. třídění částic) jsou v botanice využívány velmi zřídka.

V případě botanických studií jsou nejčastěji analyzována izolovaná buněčná jádra a měří se fluorescence některého z barviv, která se kvantitativně váží na DNA. Intenzita fluorescence je pak přímo úměrná množství DNA v jádře. Měření probíhá relativně, tj. porovnáváme intenzitu fluorescence vzorku se standardem o známém obsahu DNA. Výsledkem analýzy je tedy nejčastěji velikost genomu studovaného objektu. Ta může být sledovaným parametrem sama o sobě nebo u polyploidních skupin odráží rozdíly v počtu chromosomů a cytometrie tak umožňuje odlišení jednotlivých cytotypů. Souvislost velikosti genomu / počtu chromosomů a vlastností rostlin (rozšíření, ekologie, fyziologie), jejich evoluce nebo využití v taxonomii jsou cílem mnoha studií, jak bude ukázáno v dalších příspěvcích na konferenci.

Výhodou metody je rychlost analýz (řádově desítky vzorků za den, někdy s možností kombinovat do vzorku více jedinců) i přesnost výsledků. Významná je nedestruktivnost – k analýze stačí malé množství materiálu, což umožňuje studovat i mladé jedince nebo ohrožené druhy (přežijí odebrání vzorku). Limitací je nutnost používat pro některé typy analýz čerstvý materiál a obtížnost měření u skupin obsahujících sekundárních metabolity, které ovlivňují vazbu fluorescečních barviv na DNA. Zásadní nevýhodou je, že počet chromosomů odvozujeme pouze nepřímo z velikosti genomu – ta se však může měnit i bez změn v počtu chromosomů a zároveň při počtech chromosomů větších než asi 40 jsou rozdíly o jeden chromosom pod detekčním limitem metody. Proto je nutné „moderní“ cytometrická data kalibrovat „klasickým“ počítáním pod mikroskopem.



## Přednáška

### Pozoruhodnost pampelišek (*Taraxacum*) platí i pro velikost genomu

Magdalena Lučanová<sup>1,2</sup>, João Loureiro<sup>3</sup> & Jan Suda (+)

<sup>1</sup>Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; [kubesovm@gmail.com](mailto:kubesovm@gmail.com)

<sup>2</sup>Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2

<sup>3</sup>Centre for Functional Ecology, Department of Life Sciences, University of Coimbra, Calçada Martim de Freitas, PT-3000-456, Coimbra, Portugal

Vnitrodruhová variabilita velikosti genomu je celkem vzácný fenomén. Mnoho dřívějších studií popisující tento jev ve skutečnosti popisovalo jen artefakt vzniklý nesprávnou metodikou a ne skutečnou velikost genomu. Ze zdánlivě velkého počtu prací tedy zůstalo jen pár, které bezpochyby dokazují variabilitu velikosti genomu.

Jedním z druhů, kde je spolehlivě prokázána velká vnitrodruhová variabilita velikosti genomu je taxon *Taraxacum stenocephalum* ze sekce *Piesis*, pozoruhodný už tím, že se jedná o tetraploidní sexuální druh. Použili jsme tento druh jako modelový systém pro studium velikosti genomu - přenos mezi generacemi a souvislost velikosti genomu a růstových charakteristik potomků. Klíčovou metodou pro stanovení přesné velikosti genomu byla průtoková cytometrie. Pomocí opylovacích pokusů jsme vytvořili potomstvo F1 generace. Porovnali jsme velikost rodičů s velikostí genomu F1 semenáčků a s potomstvem provedli růstový experiment, abychom odhalili případné souvislosti velikosti genomu a růstových charakteristik.

Ve 150 jedincích pocházejících z přírody jsme potvrdili výjimečnou variabilitu velikosti genomu, která dosahuje více než 20 %. Velikost genomu potomstva je určena velikostí genomu rodičů a nezaznamenali jsme žádné limity či bariéry při křížení různých velikostí genomu. Variabilita ve velikosti genomu potomků dokonce mírně přesahuje rozsah velikosti rodičovských genomů. Při pěstování potomků pocházejících z křížení různě velkých genomů je s velikostí genomu korelovaný čas do počátku klíčení, délka nejdelšího listu, čas vykvetení a celková biomasa sklizená na konci pokusu. Počet listů s velikostí genomu nesouvisí.

*Taraxacum stenocephalum* je bezpochyby pozoruhodným druhem vykazujícím jedinečnou variabilitu velikosti genomu, čímž představuje vhodný model ke studiu vlivu a souvislostí velikosti genomu s vybranými vlastnostmi rostlin.

## Poster

### **Insight into the cytotype and reproductive puzzle of Western Carpathian *Cotoneaster integerrimus***

Lenka Macková<sup>1</sup>, Jana Nosková<sup>1</sup>, Ľuba Ďurišová<sup>2</sup> & Tomáš Urfus<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Department of Botany, Faculty of Science, Charles University in Prague, Benátská 2, CZ-128 00 Prague; lenka.musilova2@gmail.com, Bila.Jana@seznam.cz, tomas.urfus@natur.cuni.cz

<sup>2</sup>Department of Botany, Slovak University of Agriculture in Nitra, A. Hlinku 2, SK-949 76 Nitra; luba.durisova@uniag.sk,

<sup>3</sup>Institute of Botany, The Czech Academy of Sciences, Zámek 1, CZ-252 43 Průhonice

The Western Carpathians are traditionally recognized as one of the hotspots of temperate European biodiversity. The polyploid and apomictic aggregate of *Cotoneaster integerrimus* is supposed to be particularly variable there, and this is also mirrored by taxonomy. We therefore examined the ploidal and reproductive pattern of *C. integerrimus* agg. and its close relative *Cotoneaster tomentosus* in the Western Carpathians compared to the Bohemian Massif.

Using flow cytometry (124 populations/406 plants), we detected tetraploid and pentaploid cytotypes. The latter belonged exclusively to *C. tomentosus* (only in the Western Carpathians). A further flow cytometric seed screen (966 seeds) revealed facultative apomixis (11.2% of sexual progeny) of tetraploid *C. integerrimus* agg. whereas pentaploid *C. tomentosus* was obligately apomictic. In addition, 4.3% of sexual progeny were formed with the contribution of an unreduced female gamete. Moreover, apomixis of tetraploids was further structured into distinct subtypes: pseudogamy (85.3%), autonomous apomixis (3.5%) and haploid parthenogenesis (0.1%). The reproductive pattern of both regions under study was significantly uniform.

Furthermore, we compared the obtained results with data for several Scandinavian (11) and Alpine (4) populations. Whereas the Scandinavian populations exhibited a similar pattern, the Alpine ones were enriched by a diploid and sexual cytotype, indicating the true hotspot of variation.

Thus, the Western Carpathians do not represent a centre of cytotype and reproductive variation of the *Cotoneaster integerrimus* aggregate. Only the tetraploid cytotype was detected there (all pentaploids belonged to *C. tomentosus*). Analogously, facultative apomixis is a universal reproductive strategy in both study regions.

## Přednáška

### Využití průtokové cytometrie při studiu ekologie a funkčních znaků lišejníků

Jiří Malíček<sup>1</sup>, Tereza Veselská<sup>2,3</sup> & Jan Vondrák<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; jmalicek@seznam.cz

<sup>2</sup>Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2; veselska.tereza@gmail.com

<sup>3</sup>Mikrobiologický ústav AV ČR, Vídeňská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč

O velikosti genomu je známo, že ovlivňuje vývoj organismu, protože koreluje s velikostí buněk, délkou buněčného cyklu, rychlostí metabolismu a růstu. Jelikož velikost a rychlost růstu jsou významným aspektem ve vývoji jedince, velikost genomu se silně odráží i v ekologii organismů. Průtoková cytometrie je oblíbenou metodou pro zjištění velikosti genomu v botanice a zoologii. Nicméně je pouze okrajově využívána v mykologii a lichenologii, a to především kvůli velmi malé velikosti genomů hub.

Naším cílem je prostřednictvím průtokové cytometrie přinést první vhled do velikosti genomu lišejníků a sledovat změny jeho velikosti v závislosti na ekologii a funkčních znacích. K tomu budou využita data získaná pro přibližně 150 druhů lišejníků z několika desítek čeledí, reprezentujících zástupce středoevropské lichenoflóry. Budeme pátrat po korelacích mezi velikostí genomu, základními anatomickými a morfologickými znaky (např. typ stélky, rozmnožování, velikost plodnic a spór) a také ekologií lišejníků (např. preferovaný substrát). Předběžná data ukazují na pozitivní korelaci mezi velikostí genomu a velikostí spór. V rodě *Blastenia* (Teloschistaceae) je velikost genomu spjatá s typem substrátu, na kterém lišejník roste, přičemž epifytičtí zástupci dosahují v průměru nižších velikostí genomu než saxikolní.

## Přednáška

### **Flow cytometry and cytogenomics in complicated polyploid complexes: examples from the genus *Cardamine* (Prietoková cytometria a cytogenomika v zložitých polyploidných komplexoch: príklady z rodu *Cardamine*)**

Karol Marhold<sup>1,2</sup>, Marek Šlenker<sup>1</sup>, Judita Zozomová-Lihová<sup>1</sup>, Stanislav Španiel<sup>1,2</sup>, Katarína Skokanová<sup>1</sup>  
& Terezie Mandáková<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Plant Science and Biodiversity Centre, Institute of Botany, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, SK-845 23 Bratislava, Slovakia*

<sup>2</sup>*Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2, CZ-128 00 Praha 2*

<sup>3</sup>*Plant Cytogenomics research group, CEITEC - Central European Institute of Technology, and Faculty of Science, Masaryk University, Kamenice 5, 625 00 Brno, Czech Republic ; karol.marhold@savba.sk*

The genus *Cardamine* is one of the largest genera of the family Brassicaceae, distributed on all continents except Antarctica. The genus shows a high incidence of polyploidy: 58% of so far analyzed taxa are entirely neopolyploid (tetraploids being slightly more abundant compared to other ploidy levels), 10% are both diploid and neopolyploid, and 32% are diploid only. Here we show results of two studies of the Eastern Asian taxa of the genus, in the evolution of which polyploidy played crucial role. (1) In the group of taxa related to *C. yezoensis* substantial cytotype diversity was found, with strikingly different distribution patterns between the species. Two cytotypes were found in *C. torrentis* sensu lato (4x and 8x, in *C. valida* and *C. torrentis* s. str., respectively), which display a north-south geographical pattern in Japan. On the other hand, *C. yezoensis* was found to harbour as many as six cytotypes in Japan, ranging from hexa- to dodecaploids. Ploidy levels do not show here any obvious geographical pattern; populations with mixed ploidy levels, containing two to four cytotypes, are frequently observed throughout the distribution range. *C. schinziana*, an endemic of Hokkaido, has hexa- and octoploid populations. (2) Among the taxa related to *C. occulta*, the relative monoploid genome sizes were strikingly different even between species of the same ploidy level. We hypothesize that such significant separation is caused by different polyploid origins of the species under study. Based on genomic *in situ* hybridization and comparative chromosome painting, allotetraploid *C. scutata* originated by hybridization between two diploid species, *C. parviflora* and *C. amara*. By contrast, *C. kokaiensis* has an autotetraploid origin from a parental genome related to *C. parviflora*. Interestingly, octoploid *C. occulta* most probably originated through hybridization between the tetraploids *C. scutata* and *C. kokaiensis*. The octoploid genome of *C. dentipetala* most likely originated from *C. scutata* via autopolyploidization. Detailed analysis of genome sizes showed that the difference between the relative values of DNA content of *C. occulta* and the sum of its parental species is < 1%. Similarly, the monoploid genome size of octoploid *C. occulta* lies between the monoploid genome sizes of *C. scutata* and *C. kokaiensis*. The differences in relative genome sizes between polyploid descendants and sum of those of their diploid parents are similarly low in *C. kokaiensis* and *C. scutata*, 0.5 % and 3.5 %, respectively.

## Přednáška

### **Veľkosť genómu stredoeurópskych zástupcov rodu *Sesleria* (Poaceae): užitočný znak pri identifikácii morfoložicky podobných taxónov**

Pavol Mereda Jr.<sup>1</sup>, Monika Majerová<sup>1</sup>, Lajos Somlyay<sup>2</sup> & Iva Hodálová<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centrum biológie rastlín a biodiversity SAV, Botanický ústav, Dúbravská cesta 9, SK-845 23  
Bratislava; pavol.mereda@savba.sk, monika.budzakova@gmail.com, iva.hodalova@savba.sk

<sup>2</sup>Department of Botany, Hungarian Natural History Museum, H-1476 Budapest, Pf. 222, Hungary;  
somlyay@bot.nhmus.hu

Rod *Sesleria* (Poaceae) je v strednej Európe zastúpený 4 tetraploidnými ( $2n = 28$ ; *S. caerulea*, *S. heufleriana*, *S. uliginosa*, 4x cytotyp *S. kalnikensis*) a 5 oktoploidnými ( $2n = 56$ ; *S. hungarica*, *S. juncifolia*, *S. kalnikensis*, *S. sadleriana*, *S. tatrae*) taxónmi. Hoci tieto taxóny zohrávajú dôležitú úlohu vo veľkom množstve rastlinných spoločenstiev a päť z nich (4x a 8x cytotyp *S. kalnikensis*, *S. hungarica*, *S. sadleriana*, *S. tatrae*) je v danom regióne endemických, ich identifikácia je obtiažna a znalosti o nich sú značne obmedzené až skreslené. Spôsobené je to ich uniformnou morfológiou, predpokladanou hybridizáciou a značnou variabilitou určovacích znakov, z ktorých väčšina má navyše len kvantitatívny charakter. Skúmali sme preto, či by sa na ich identifikáciu dala využiť veľkosť genómu identifikovaná prietokovou cytometriou. Na desiatkach lokalít a stovkách rastlín (približne 10 až 20 na populáciu) sme na čerstvom rastlinnom materiáli skúmali relatívnu a v menšej miere aj absolútnu veľkosť genómu. Zistili sme pritom prekvapivé výsledky, ktoré v doterajšej (skromnej) literatúre o tejto problematike, neboli známe. Najvýznamnejším z nich je poznanie, že podľa veľkosti genómu sa dá identifikovať až 8 z 9 študovaných taxónov. Na základe získaných výsledkov je možné nielen presne identifikovať viaceré doposiaľ sporné populácie, ale aj skúmať druhové zloženie jednotlivých populácií a analyzovať rozsah často skloňovanej hybridizácie v rámci študovanej skupiny.

## Přednáška

### ***Cirsium xsudae* – nový mezidruhový kříženec vzácných alpských pcháčů**

Ester Michálková<sup>1</sup>, Jakub Šmerda<sup>1</sup>, Aleš Knoll<sup>2</sup> & Petr Bureš<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ústav botaniky a zoologie PŘF MU, Kotlářská 2, 611 37 Brno; [lajkepova.ester@seznam.cz](mailto:lajkepova.ester@seznam.cz)

<sup>2</sup>CEITEC MENDELU, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno

Na základě morfologické, cytometrické a genetické (AFLP = polymorfismus délky amplifikovaných fragmentů) analýzy jsme identifikovali a popsali hybrida *Cirsium xsudae* (*C. carniolicum* × *C. greimleri*). Tento hybrid, který dosud neměl dvouslovné jméno, byl předtím nalezen jen jednou v pásmu jižních vápencových Alp při rakousko-slovinské hranici – v Karavankách – kde se oba velmi vzácné rodičovské druhy dostávají ojediněle do kontaktu. Jedinou další takovou oblastí jsou patrně Ennstalské Alpy, ležící v pásmu severních vápencových Alp. Právě zde poblíž osady Kölblwirt jsme našli čtyři jedince vykazující intermediární habitus. Podrobnější rozbor morfologických znaků ani analýza velikosti genomu pomocí průtokové cytometrie hybridní status těchto jedinců nevyvrátily. U často hybridizujících pcháčů je nicméně vždy namístě určitá opatrnost, protože „hybridní“ nažky mohou být, např. díky chmýru, transportovány i poměrně daleko od místa svého vzniku. Abychom bezpečně identifikovali původ hybridních rostlin, rozhodli jsme se pomocí AFLP analyzovat nejen oba potenciální rodičovské druhy a s nimi spolu na lokalitě rostoucí *C. erisithales*, ale i všechny další druhy pcháčů, rostoucí v rakouské části východních Alp: *C. acaulon*, *C. arvense*, *C. eriophorum*, *C. heterophyllum*, *C. oleraceum*, *C. palustre*, *C. pannonicum*, *C. rivulare*, *C. spinosissimum* a *C. vulgare*. Molekulární analýza předpokládaný původ hybridů potvrdila a navíc ukázala, že jsou nejpříbuznější právě s jedinci *C. carniolicum* a *C. greimleri* pocházejícími z lokality u Kölblwirt, takže vznikly zde a ne transportem „hybridních“ nažek odjinud. Nejnápadnějšími znaky tohoto nového hybrida jsou velké, mělce laločnaté listy s měkkými ostny a široce vejčitou čepelí u nejspodnějších z nich (jako u obou rodičů) a také jeho růžově bílé květy (intermediární mezi oběma rodiči). Naopak délkou koruny nebo chmýru je hybrid robustnější než oba rodiče, což může svědčit o heterózním efektu.

## Přednáška

### **Ploidie rostlin jako faktor řídící chování rostlinných populací a jejich interakce s dalšími organismy**

Zuzana Münzbergová

*Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2; zuzmun@natur.cuni.cz*

Ploidie rostlin je klíčovým faktorem určujícím jejich chování a má mnoho významných důsledků pro dynamiku populací různých cytotypů. Kromě běžně studovaných efektů na rozšíření druhů můžeme pozorovat i řadu zajímavých vlivů na populační úrovni včetně změn interakcí s dalšími organismy, jako jsou například herbivoři či mykorrhizní houby. Cílem přednášky bude na příkladech studií modelového druhu *Aster amellus* ukázat možný význam těchto interakcí pro přežívání a dlouhodobou dynamiku různých cytotypů

*Aster amellus* se v našich podmínkách vyskytuje jako diploidní a hexaploidní cytotyp. Na malé škále nevykazují tyto cytotypy jasné ekologické rozdíly, na škále celé Evropy jsou však patrné velmi odlišné afinity obou typů. Proběhlé výzkumy ukazují, že cytotypy obou druhů se neliší ve své morfologii ani kompetiční úspěšnosti v interakci s dominantním kompetitorem na jejich přirozených lokalitách. Druhy také sdílejí svůj genetický základ, nicméně z důvodu jejich reprodukční izolace dochází k jejich postupné genetické diferenciaci. U druhů také existují odlišnosti v některých aspektech jejich životního cyklu. Tyto rozdíly pak ve smíšených populacích vedou k vyšší dlouhodobé úspěšnosti hexaploidních rostlin. To bylo dokázáno jak v experimentálních podmínkách za pomoci dlouhodobého sledování uměle vytvořených cytotypově smíšených populací, tak pozorováním jediných dvou známých cytotypově smíšených populací druhu v přírodě. Hlavními faktory vysvětlujícími tento rozdíl mohou být vyšší reprodukční úspěch hexaploidních rostlin, jejich nižší atraktivita pro herbivory i nižší pokles reprodukční úspěšnosti po zkřížení s druhým cytotypem. Významným faktorem může být i vyšší schopnost hexaploidních rostlin profitovat se zvýšené dostupnosti živin a přítomnosti mykorrhizních hub v půdě. Souhrn všech výsledků ukazuje, že vliv cytotypu na chování rostlin se projevuje ve velkém množství různých aspektů, s tím, že výsledný vliv je daný kombinací všech těchto vlivů. Studium pouze několika málo těchto aspektů tak může vést k velmi zavádějícím závěrům o jejich úspěšnosti.

## Poster

### Cytotypová variabilita druhu *Libanotis pyrenaica* (Apiaceae)

Hana Němečková<sup>1,2</sup>, Karol Krak<sup>4</sup> & Jindřich Chrtek, jun.<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2; [privoznikovah@seznam.cz](mailto:privoznikovah@seznam.cz)

<sup>2</sup>Botanické oddělení, Národní muzeum, Cirkusová 1740, 193 00 Praha 9 – Horní Počernice

<sup>3</sup>Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; [chrtek@ibot.cas.cz](mailto:chrtek@ibot.cas.cz)

<sup>4</sup>Katedra ekologie, Fakulta životního prostředí, ČZU v Praze, Kamýcká 129, 165 00 Praha 6 – Suchbátka

*Libanotis pyrenaica* (*Seseli libanotis*) je monokarpický druh z čeledi *Apiaceae* rostoucí v mírném pásu Eurasie. V Evropě jsou obvykle rozlišovány dvě subspecie – subsp. *intermedia* a subsp. *pyrenaica*. Doposud byly u druhu zjištěny dvě ploidní úrovně, diploidní ( $2n = 2x = 22$ ) a tetraploidní ( $2n = 4x = 44$ ).

Zaměřili jsme se na rozšíření cytotypů ve střední Evropě, zejména s ohledem na případné primární nebo sekundární kontaktní zóny a ploidně smíšené populace s možným výskytem hybridních triploidních rostlin, na srovnání klíčivosti semen obou ploidí v in vitro podmínkách a na vztah mezi morfologickou variabilitou a ploidní diferenciací.

Na základě analýz metodou průtokové cytometrie jsme zjistili, že distribuce cytotypů je téměř alopatriká – diploidi se vyskytují nesouvisle téměř po celém studovaném území, tetraploidy jsme našli v České republice (východní Polabí, jižní Morava), v Rakousku (Panonská nížina), na západním a jižním Slovensku, v Rumunsku (východní Karpaty a Apuseni) a v Chorvatsku. Parapatricky se cytotypy vyskytují jen v severní části Panonské nížiny, jižním Polsku a Rumunsku. Pomocí sekvenování trnL-trnF úseku cpDNA jsme prokázali vysokou haplotypovou rozmanitost bez zřejmé korelace s cytogeografií. V České republice a na Slovensku jsme zjistili pouze okrajově významný rozdíl v rozšíření cytotypů v závislosti na nadmořské výšce. Ploidně smíšená populace je známá zatím jen jedna (Polsko, Kobylany), ani tam jsme ale nezaznamenali triploidní rostliny. Semena obou cytotypů klíčila lépe při vyšších teplotách, tetraploidní klíčila rychleji. Klíčení výrazně urychlila stratifikace. Cytotypy se zřejmě liší svými ekologickými nároky a to hlavně s ohledem na teplotu, což může být důvod, proč jsou tetraploidy častěji nalézány v nížinách a diploidi i ve vyšších polohách. Morfologická variabilita je značná, mnoho rostlin není možné jednoznačně přiřadit k rozlišovaným subspeciím. Stejně tak není jasný vztah mezi ploidí a morfologií, i když tetraploidní rostliny jsou obvykle nižší a mají méně členěné listy a odpovídají tak spíše subsp. *intermedia*.



## Přednáška

### Odhalení reprodukčních strategií rostlin pomocí průtokové cytometrie

Jana Nosková<sup>1</sup>, Juraj Paule<sup>2</sup>, Christoph Dobeš<sup>3</sup>, Tomáš Urfus<sup>1</sup>, Martin Lepší<sup>4</sup> & Petr Koutecký<sup>5</sup>

<sup>1</sup>*Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha; jana.bila@natur.cuni.cz*

<sup>2</sup>*Department of Botany and Molecular Evolution, Senckenberg Research Institute and Natural History Museum, Senckenberganlage 25, D-60325 Frankfurt am Main, Germany;  
Juraj.Paule@senckenberg.de*

<sup>3</sup>*Austrian Research Centre for Forests, Department of Forest Genetics, Seckendorff-Gudent-Weg 8, A- 1131 Vienna, Austria*

<sup>4</sup>*Jihočeské muzeum v Českých Budějovicích, Dukelská 1, 370 51 České Budějovice*

<sup>5</sup>*Katedra botaniky PŘF JU, Branišovská 1760, 370 05 České Budějovice*

Rostliny si vytvořily celou škálu reprodukčních způsobů, které často dokážou kombinovat a efektivně tak reagovat na změny prostředí. Rozmnožování může probíhat buď pohlavně (zahrnující oplození), nebo nepohlavní cestou (pomocí fragmentace, speciálních propagulí či apomixie). Při apomixii (ve smyslu agamospermie) se tvoří semeno s embryem, které vzniklo bez oplození – pouze z vaječné buňky.

Rozpoznat sexuální rozmnožování od apomixie je zásadní vzhledem k jejich odlišnému evolučnímu významu. K rozlišení může pomoci průtoková cytometrie semen (Flow cytometric seed screen, FCSS), kdy na základě zjištění DNA ploidní úrovně embrya a endospermu může být odlišeno až deset různých způsobů vytvoření semene. Jednotlivé typy se liší v zapojení redukovaných/nereduovaných gamet, ve vzniku embrya oplozením/partenogeneticky a ve vzniku endospermu autonomně/pseudogamicky.

Průtoková cytometrie semen byla úspěšně použita u řady taxonomicky komplikovaných skupin. Například u rodu *Sorbus* (jeřáb), kde pomohla k odhalení četnosti sexuálního a apomiktického rozmnožování u hybridogenních druhů, k zaznamenání vzácných typů reprodukce (např. haploidní partenogeneze) a k analýze produktů experimentální hybridizace. V pseudogamickém rodu *Potentilla* (mochna) byl vyvinut numerický model pro sexuální a apomiktické taxony. Model umožňuje kvantifikaci maternálního a paternálního příspěvku při vytvoření embrya a endospermu nezávisle na původu gametofytu, počtu spermatických buněk a ploidii rodičů.

Průtoková cytometrie semen tedy umožňuje velmi účinně proniknout do komplikovaného světa reprodukčních strategií rostlin a zcela jistě přinese i v následujících letech řadu překvapivých zjištění.

## Poster

### Není orsej jako orsej: pohled na cytotypovou variabilitu a variabilitu ve velikosti genomu rodu orsej (*Ficaria*) na velké prostorové škále

Ondřej Popelka<sup>1</sup>, Michaela Konečná<sup>2</sup>, Lucie Kobrlová<sup>1</sup> & Martin Duchoslav<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PřF UP, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc; [ondrej-popelka@seznam.cz](mailto:ondrej-popelka@seznam.cz),  
[lucka.kobrlova@seznam.cz](mailto:lucka.kobrlova@seznam.cz), [martin.duchoslav@upol.cz](mailto:martin.duchoslav@upol.cz)

<sup>2</sup>Katedra ekologie a životního prostředí PřF UP, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc;  
[michaella.konecna@seznam.cz](mailto:michaella.konecna@seznam.cz)

Rod *Ficaria* zahrnuje časně kvetoucí geofyty rostoucí především na vlhkých stanovištích téměř celé Evropy a přilehlých oblastech Afriky a Asie. V rámci rodu byl původně rozlišován jeden široce pojatý druh *Ranunculus ficaria*. Jeho vysoká morfologická variabilita a existence několika ploidních úrovní vedla později k popisu velkého množství taxonů, často pochybné hodnoty. Na základě poslední ucelené studie Veldkamp (2015) založené na revizi herbářového materiálu je v rámci rodu rozlišováno sedm taxonů, prozatímně ponechaných na úrovni poddruhů široce pojatého druhu *Ficaria verna*. Většina znaků sloužících k jejich identifikaci je silně plastická a ovlivněna prostředím (velikost květů a listů, fertilita nažek). Nedávné studie navíc naznačují, že významnou evoluční roli uvnitř rodu hraje kromě polyploidizace také hybridizace (Drenckhahn et al. 2017, Zonneveld 2015). Je tedy zřejmé, že bez další důkladné studie nelze taxonomickou problematiku tohoto složitého komplexu vyřešit. V rámci prvotního výzkumu jsme se zaměřili na cytotypovou variabilitu a variabilitu ve velikosti genomu rodu na území Evropy. Na základě analýzy relativní velikosti genomu jsme detekovali celkem pět DNA-ploidních stupňů ( $2n = 2x, 3x, 4x, 5x, 6x$ ). Nejčastěji se vyskytují tetraploidní rostliny, méně časté jsou pak diploidní typy. Ostatní ploidie jsou vzácné a jsou častěji zastoupeny hlavně v oblasti Balkánu. Na základě analýzy absolutní velikosti genomu jsme potvrdili existenci tří diploidních linií: *F. v.* subsp. *calthifolia*, *F. v.* subsp. *fertilis* a *F. v.* subsp. *ficarioides*. U taxonů *F. v.* subsp. *calthifolia* a *F. v.* subsp. *verna* byl navíc zjištěn významný geografický gradient v monoploidní velikosti genomu, který naznačuje působení možné hybridizace, jež generuje další morfologickou variabilitu. Námi zjištěné DNA-ploidní úrovně jednotlivých taxonů často neodpovídají údajům z literatury. Také morfologické vymezení jednotlivých taxonů se zdá být nejasné. Pro pochopení taxonomické problematiky je nutná další morfologická studie spojená s využitím molekulárních metod.

## Poster

### Hybridizace mezi diploidní *Ficaria calthifolia* a tetraploidní *F. verna* subsp. *verna* ve střední Evropě

Ondřej Popelka<sup>1</sup>, Michal Sochor<sup>2</sup>, Pavla Šiková<sup>1</sup>, Bohumil Trávníček<sup>1</sup> & Martin Duchoslav<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PřF UP, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc; [ondrej-popelka@seznam.cz](mailto:ondrej-popelka@seznam.cz),  
[pavlasikova@centrum.cz](mailto:pavlasikova@centrum.cz), [bohumil.travnicek@upol.cz](mailto:bohumil.travnicek@upol.cz), [martin.duchoslav@upol.cz](mailto:martin.duchoslav@upol.cz)

<sup>2</sup>Centrum regionu Haná pro biotechnologický a zemědělský výzkum, Oddělení genetických zdrojů zelenin, léčivých rostlin a speciálních plodin, Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Šlechtitelů 29, 783 71 Olomouc; [michal.sochor@volny.cz](mailto:michal.sochor@volny.cz)

Hybridizace je u rostlin považována za jeden z významných evolučních mechanismů generující biologickou diverzitu. Výskyt hybridů není rovnoměrně rozdělný mezi čeleděmi, ale často je koncentrován pouze v jednotlivých rodech nebo jejich částech. V rámci tribu Ranunculeae byla hybridizace dokumentována především u polyploidních komplexů jako je *Ranunculus auricomus*. Dalším příkladem polyploidního komplexu v tribu Ranunculeae je rod *Ficaria*. V rámci tohoto rodu je rozlišováno až sedm taxonů s pěti ploidními úrovněmi. V posledních letech se navíc ukazuje, že taxonomie tohoto rodu není zdaleka vyřešena a hybridizace zde může hrát zásadní diverzifikující roli. V prostoru střední Evropy se vyskytují dva taxony: široce rozšířený tetraploidní taxon *Ficaria verna* subsp. *verna* a méně hojný diploidní druh *Ficaria calthifolia*. Navíc je znám výskyt triploidních rostlin v sympatrických populacích, u kterých byl předchozími autory předpokládán hybridní původ. V rámci naší práce jsme se zaměřili na studium triploidních rostlin a jejich předpokládaných rodičů v sympatrických populacích pomocí průtokové cytometrie, molekulárních metod (AFLP, cpDNA seq.), experimentální hybridizace a studia morfologie a ekologie. Na základě výsledků experimentální hybridizace a molekulárních metod jsme potvrdili, že triploidní rostliny v sympatrických populacích jsou pouze hybridního původu, přičemž křížení probíhá oběma směry. Hybrid byl nalezen téměř ve všech studovaných sympatrických populacích obou taxonů. Obsah jaderné DNA hybrida je intermediální mezi obsahy jaderné DNA rodičů, ale vzhledem k tomu, že velikost monoploidního genomu se u obou rodičů významně neliší, není možné pomocí cytometrické analýzy rozlišit hybridy a potenciálně autotriploidní jedince *F. calthifolia*. Triploidní rostliny jsou ve většině morfologických znaků intermediální mezi rodiči, nebo bližší *F. v.* subsp. *verna*. Generativní rozmnožování hybrida nebylo zjištěno. Hybrid se ale množí vegetativně pomocí pacibulek a na jednotlivých lokalitách se pak vyskytuje v jednom či několika málo klonech. Studium mikroekologické diferenciace na dvou lokalitách ukázalo zřetelnou stanovištní diferenciaci rodičů, přičemž hybridní rostliny se vyskytovaly v ekologicky intermediálních podmínkách.

## Přednáška

### **Cytotypová variabilita, kryptická diverzita a hybridizace u lakušníků (*Ranunculus* sect. *Batrachium*)**

Jan Prančl, Petr Koutecký, Pavel Trávníček, Vlasta Jarolímová, Magdalena Lučanová, Eva Koutecká,  
Johana Hanzlíčková & Zdeněk Kaplan

*Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; jan.prancl@ibot.cas.cz*

Lakušníky (*Ranunculus* sect. *Batrachium*) jsou často považovány za taxonomicky nejsložitější skupinu vodních rostlin v Evropě. Jejich výzkum je komplikován zejména celkovou redukcí tělní stavby, vysokou měrou fenotypové plasticity, výskytem vnitrodruhové ploidní variability a častou hybridizací. Pomocí průtokové cytometrie doplněné o počítání chromozomů jsme hodnotili rozsáhlý soubor 3354 jedinců z 612 lokalit, shromážděných na území 13 převážně střeoevropských zemí, absolutní velikost genomu byla určena u 1032 jedinců. Celkem jsme zaznamenali 34 cytotypů o pěti různých ploidních úrovních (od diploidů po hexaploidy). Velikost jaderného genomu se ukázala být spolehlivým znakem pro rozlišení většiny tradičně uznávaných druhů, včetně taxonů o stejné ploidní úrovni. Ačkoli byla variabilita v ploidním stupni udávána pro většinu evropských i střeoevropských druhů, naše studie odhalila větší počet ploidních úrovní pouze u dvou druhů, konkrétně u *R. fluitans* (2x, 3x) a *R. penicillatus* (4x, 6x). Situace ve střední Evropě je nicméně značně komplikovaná kvůli četnému výskytu hybridních a kryptických taxonů. Kryptická variabilita byla objevena u druhu *R. trichophyllus*, u kterého byly zaznamenány tři signifikantně odlišné tetraploidní cytotypy, lišící se i ekologicky. Ještě komplikovanější je situace u alopolyloidního komplexu *R. penicillatus*. U tohoto říčního taxonu bylo zaznamenáno celkem šest cytotypů. Dále jsme objevili 15 různých cytotypů hybridního původu, z nichž sedm bylo identifikováno jako kříženci F<sub>1</sub> díky intermediární velikosti genomu, zbylé cytotypy jsou neznámého nebo nejistého původu. V řece Ohři se *R. penicillatus* podílí na vzniku rozsáhlého hybridního roje. Četní kříženci s variabilní velikostí genomu byli odhaleni také ve společných populacích druhů *R. peltatus* a *R. trichophyllus*, přičemž křížení pravděpodobně probíhá převážně jednosměrně směrem k *R. peltatus*. Průtoková cytometrie je ideální metodou pro základní výzkum diverzity lakušníků, a rovněž je schopna odhalit mnohé evoluční procesy, které v této skupině probíhají.

## Přednáška

### **Massive polyploidization but no obvious role for polyploids in the radiation of southern African *Oxalis* L.: insights from phylogenomics and cytogenetics**

Roswitha Schmickl<sup>1</sup>, Kenneth Oberlander, Vojtěch Zeisek, Hanna Schneeweiss, Eve Emshwiller, Leanne Dreyer, Aaron Liston & Jan Suda (†)

<sup>1</sup>*Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2, CZ-128 00 Praha 2*

Diversity is not equally distributed amongst organisms. Certain organismic groups exhibit an enormous diversity compared to other, often closely related groups, they radiate. A controversial key trait for radiations is whole genome duplication (WGD). In particular paleo-WGDs have been demonstrated to have occurred around the onset of radiations, supposedly co-occurring with events of environmental stress. In contrast to paleo-WGDs, it has insufficiently been tested if relatively recent polyploidization events have contributed to increases in diversification; the evidence for increased diversification rates of diploids compared to neopolyploids is controversial. We chose the southern African clade of the genus *Oxalis* (SoA *Oxalis*) to study the role of WGDs on diversification rate shifts. The geophytic SoA *Oxalis* lineage is monophyletic and descended from a South American ancestor; it accounts for nearly half the species diversity of the genus. We first estimated the frequency of WGDs in SoA *Oxalis*, then tested if WGDs are overrepresented in particular clades, and then tested if WGD corresponds with an increase or decrease in net diversification rate.

## Poster

### Velikost genómu v dvoch homoploidných komplexoch z čeľade Asteraceae

Katarína Skokanová, Judita Kochjarová, Barbora Šingliarová & Juraj Paule

Centrum biológie rastlín a biodiverzity, Botanický ústav SAV, Dúbravská cesta 9, SK-845 23 Bratislava;  
katarina.skokanova@savba.sk

Napriek tomu, že v posledných desaťročiach narastá počet taxonomických a fylogenetických štúdií využívajúcich prietokovú cytometriu, variabilita vo veľkosti genómu v rámci homoploidných skupín (skupín blízko príbuzných rastlín s rovnakým počtom chromozómov) zostáva stále málo študovaná.

V príspevku prezentujeme údaje o veľkosti genómu pre dva homoploidné komplexy z čeľade Asteraceae: skupinu *Cyanus tuberosus* s  $2n=2x=20$  a agregát *Tephrosieris longifolia* s  $2n=6x=48$ . Súčasné genetické analýzy (AFLP, polymorfizmus dĺžky amplifikovaných fragmentov) ukázali ich rýchlu a pomerne recentnú diverzifikáciu, ktorá v oboch prípadoch vyústila do niekoľkých alopatrických genetických línií. Pretože zistené genetické línie vo veľkej miere odporujú dostupným taxonomickým konceptom, obidva komplexy boli nedávno taxonomicky revidované. Podľa nového taxonomického konceptu, skupina *C. tuberosus* zahŕňa 8 druhov a 2 poddruhy vyskytujúcich sa na Balkáne a *T. longifolia* agg. pozostáva z 5 druhov a 2 poddruhov rozšírených v strednej a južnej Európe.

Variabilita relatívneho obsahu DNA stanoveného pomocou DAPI prietokovej cytometrie je u oboch komplexov podobná, v skupine *C. tuberosus* (32 populácií, 197 rastlín) je na úrovni 23,1 % a v agregáte *T. longifolia* (41 populácií, 161 rastlín) na úrovni 27,3 %. V oboch komplexoch sme zistili taxonomicky významné rozdiely v obsahu DNA. Variabilita v relatívnom obsahu DNA zároveň korelovala s niektorými premennými prostredia, ako je nadmorská výška a geografická poloha. Predpokladáme, že k posunu vo veľkosti genómu v rámci oboch homoploidných komplexov došlo v procese alopatrickej speciácie, ktorá umožňuje adaptívnu evolúciu veľkosti genómu vzhľadom na rôzne podmienky prostredia.

## Poster

### Faktory ovlivňující rozšíření *Anthoxanthum odoratum* a *A. alpinum*

Terezie Šimáková<sup>1</sup>, Zuzana Münzbergová<sup>1,2</sup> & Věroslava Hadincová<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2; terezie.simakova@gmail.com,  
zuzmun@natur.cuni.cz

<sup>2</sup>Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; veroslava.hadincova@ibot.cas.cz

Abychom byli schopni určit, jak druhy reagují na změny prostředí způsobené klimatickými změnami, je třeba porozumět mechanismům adaptace druhů na široké rozpětí environmentálních podmínek, zjistit, jaké jsou limitující faktory prostředí a jak bude druh reagovat na případné změny v prostředí. K tomu se využívá výškových gradientů, recipročních transplantačních experimentů, nebo se tyto experimenty provádí v laboratorních podmínkách. *Anthoxanthum odoratum* (4n) a *A. alpinum* (2n) se liší v zeměpisném rozšíření. *A. odoratum* má velmi širokou ekologickou valenci, oproti *A. alpinum* se nevyskytuje ve vyšších nadmořských výškách a zeměpisných šířkách. *A. alpinum* se vyskytuje pouze tam. Tyto dva druhy se sice liší i morfologicky, ale spolehlivě je odlišíme pouze pomocí průtokové cytometrie. Cíle naší studie jsou: (i) porozumět faktorům, které řídí přirozené rozšíření druhů *A. odoratum* a *A. alpinum* v různých zeměpisných šířkách a nadmořských výškách v rámci evropských pohoří, (ii) otestovat efekt kompetice, teploty a vlhkosti jakožto možné faktory ovlivňující rozšíření druhů, (iii) porozumět variabilitě a specifickým vlastnostem druhů, které umožňují adaptaci na specifické podmínky prostředí. Předpokládáme, že kompetice limituje rozšíření *A. alpinum*, zatímco nízká teplota bude omezovat růst *A. odoratum*. Poté, co zjistíme, kde se v rámci evropských pohoří nachází společné zóny výskytu těchto dvou druhů, provedeme transplantační výsevové a kompetiční pokusy mezi zónami výskytu jednotlivých druhů. U rostlin budeme následně měřit znaky popisující růst, regenerační strategii a fyziologii. Abychom zjistili, zda se druhy liší v odpovědi na změnu teploty, tak stejný experiment provedeme i v laboratorních podmínkách (v klimaboxech). Zde mimoto provedeme párové kompetiční pokusy. Stejný experiment provedeme i s druhou generací rostlin. Zjistíme tedy, zda jsou druhy adaptované pomocí fenotypu (plasticita), či zda zareagovaly pomocí změn genotypu a budou tak schopny dalšího vývoje i v měnících se klimatických podmínkách.

**Poster**

**Rates and pathways of (neo)autopolyploid formation in natural populations  
of *Pilosella rhodopea* (Asteraceae)**

Barbora Šingliarová<sup>1</sup>, Diego Hojsgaard<sup>2</sup> & Patrik Mráz<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Institute of Botany, Plant Science and Biodiversity Centre, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská  
cesta 9, SK-845 23 Bratislava; barbora.singliarova@savba.sk*

<sup>2</sup>*Department of Systematics, Biodiversity and Evolution of Plants, Georg-August-Universität  
Göttingen, Untere Karspüle 23, D-7073 Göttingen; diego.hojsgaard@biologie.uni-goettingen.de*

<sup>3</sup>*Department of Botany, Charles University, Benátská 2, CZ-128 00 Prague;  
mrzapat@natur.cuni.cz*

Despite importance of polyploidy in plant evolution, mechanisms and processes underlying the origin of polyploidy are still poorly understood. Only handful of studies have estimated the rates of formation of neopolyploids and their reproduction in natural systems. In this study we combine embryological observations with Flow Cytometry Seed Screening to investigate reproductive behavior of diploids and (neo)autopolyploids (triploids and tetraploids) in natural mixed-ploidy populations of *Pilosella rhodopea* (Asteraceae). Our results show that while diploid plants displayed normal development of female gametes mirrored in high seed sets, polyploids, and especially triploids, had severely reduced production of viable seeds due to remarkable meiotic irregularities and altered gametogenesis process. The Flow Cytometry Seed Screening furthermore showed that all cytotypes reproduce sexually despite the tendencies for aposporic embryo sacs formation in polyploids. Diploid mothers produced mainly diploid seeds. Polyploid plants produced progeny which considerably varied in respect of both ploidy level and pathway of formation. Altogether, we observed haploid, diploid, triploid and pentaploid ploidy levels for pollen grains and haploid to triploid egg cells involved in seed formation. Six euploid ploidy levels of embryo were ascertained ( $2x-7x$ ). Diploids represented the majority (56%), triploids and tetraploids were less common (18% resp. 21%), and remaining cytotypes ( $5x$ ,  $6x$ ,  $7x$ ) were extremely rare. Seed samples also contained surprisingly high proportion (almost 50%) of aneuploid seeds, although aneuploid plants were very rare in natural sites. Revealed pathways of particular cytotypes formation confirm and underline importance of constant gene flow among all ploidies and participation of reduced and unreduced gametes for (neo)polyploid formation and thus maintenance of ploidy level variation and frequent occurrence of mixed ploidy populations in *P. rhodopea*.



## **Přednáška**

### **Velikost genomu a genomický obsah GC bazí české flóry a jejich ekologický význam**

Petr Šmarda

*Ústav botaniky a zoologie PŘF MU, Kotlářská 2, 611 37 Brno;  
smardap@sci.muni.cz*

V posledních letech jsme v naší brněnské laboratoři naměřili velikost genomu a genomický GC obsah pro většinu druhů cévnatých rostlin české flóry. V přednášce bych rád shrnul výsledky těchto měření, na základě těchto měření demonstroval známé ekologické efekty obou měřených genomických parametrů a zmínil některé jejich hypotetické efekty, jejichž zkoumáním se v současnosti zabývám(e).

## Přednáška

### Průtokové cytometrie jako mocný nástroj v rukách floristů

Milan Štech<sup>1</sup>, Martin Lepší<sup>2</sup>, Magdaléna Lučanová<sup>1,3</sup> & Petr Koutecký<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Katedra botaniky PŘF JU, Branišovská 1760, 370 05 České Budějovice; stech@prf.jcu.cz,  
kubesovm@gmail.com, kouta@prf.jcu.cz*

<sup>2</sup>*Jihočeské muzeum v Českých Budějovicích, Dukelská 1, 370 51 České Budějovice; lepsi@seznam.cz,*

<sup>3</sup>*Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice*

Důkladný floristický výzkum nutně vyžaduje řešení mnohých problémů s identifikací morfologicky podobných druhů. Průtoková cytometrie nabízí efektivní a často dostatečné řešení sporných otázek. Bystré oko floristů bývá prvním impulzem k rozeznání typů dosud v daném území nerozlišovaným, které lze takto snadno a levně ověřit. Nakalibrované pozorovací schopnosti místních znalců vedou k rychlému získání dat o rozšíření nově rozlišených typů. Na několika vybraných příkladech lze ukázat využití průtokové cytometrie ke spolehlivému rozeznání morfologicky podobných a často zaměňovaných druhů, k rozlišení v území dosud přehlížených taxonů nebo ke správnému určení dlouho chybně označovaných druhů. Významná je možnost snadno rozeznat nebo naopak vyloučit výskyt kříženců. Atraktivním výstupem průtokové cytometrie ve floristické praxi jsou ověřené mapy rozšíření dosud běžně zaměňovaných druhů nebo cytotypů.

## Poster

### Changes in temperature and moisture and maternal effects interact to determine germination of a clonal grass

Andrea Veselá<sup>1,2</sup>, Věroslava Hadincová<sup>2</sup>, Vigdis Vandvik<sup>3</sup> & Zuzana Münzbergová<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PřF UK, Benátská 2, 128 00 Praha 2; [andrea.paulu@seznam.cz](mailto:andrea.paulu@seznam.cz),  
[zuzmun@natur.cuni.cz](mailto:zuzmun@natur.cuni.cz)

<sup>2</sup>Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; [Veroslava.hadincova@ibot.cas.cz](mailto:Veroslava.hadincova@ibot.cas.cz)

<sup>3</sup>Department of Biological Science, University of Bergen, Realfagbygget, Allégt. 41, Norway;  
[Vigdis.Vandvik@uib.no](mailto:Vigdis.Vandvik@uib.no)

With ongoing climate change the need of predicting the future fates of species and ecosystems is rising. Although many studies on species response to changing conditions have been done, we still insufficiently understand of the role of specific climatic factors, and their interactions for germination, a critical stage in life cycle of many plants. To observe response of germination on possible changes of temperature and moisture conditions, we studied germination of two closely related grass species of contrasting ecology (*Anthoxanthum odoratum*, *A. alpinum*). The study plants originated from 12 localities situated along a natural climatic grid in western Norway with factorial combinations of three levels of temperature and four levels of precipitation. Germination was tested in three temperatures and two moisture experimental target conditions, simulating field conditions and possible climate changes.

In wetter conditions, germination percentage and rate of *A. alpinum* was higher in changed i.e. warmer conditions, while germination percentage and rate of *A. odoratum* was comparable between home and changed i.e. colder conditions. Germination and proportion of dormant seeds of *A. alpinum* was strongly negatively affected by increasing temperatures and declining moisture. The change to drought better tolerated seeds placed in cold stratification. The seeds collected in the field tolerated transfer to warmer conditions better than seeds collected from plants cultivated in the experimental garden, although both seed sets originated from plants from the same localities. From results ensue that it is necessary to concentrate on changes of conditions for predicting future fates of species and ecosystems. Simultaneously, the study highlighted importance of cold period for germination, especially in changes to drought. Species germination response can be different in the field seeds and garden collected seeds, in future studies it is suitable respect pattern operating in the field and in common garden environment.

## Přednáška

### **Jak přispěla průtoková cytometrie ke studiu chráněných a ohrožených druhů rostlin v posledních desetiletích?**

Petr Vít

*Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; petr.vit@ibot.cas.cz*

Metoda průtokové cytometrie našla v posledních dekáдах bohaté využití v systematických, evolučních i ekologických studiích cévnatých i bezcévných rostlin. Ne každé studii se však poštěstilo, aby měla praktický, viditelný dopad. Jednou z mála výjimek je využití dat z průtokové cytometrie v ochraně ohrožených rostlin a společenstev.

Obdobně jako další biosystematické metody, může být průtoková cytometrie využita k snadnější identifikaci rostlinných druhů, respektive až již k rozeznávání nových druhů (kryptických taxonů) nebo pro jejich běžné odlišení od morfologicky blízkých taxonů. Průtoková cytometrie také našla uplatnění při zhodnocení míry hybridizace vzácných rostlinných druhů a běžně se vyskytujících příbuzných. Tyto hybridizační události mohou být fatální pro některé vzácné taxony, zatímco u jiných přítomnost hybridních jedinců v populaci není zásadní překážkou. Významným přínosem průtokové cytometrie v oblasti ochrany přírody může také být možnost zhodnocení reprodukčních strategií a reprodukčního úspěchu vzácných rostlin.

Při práci s cytometrickými daty je nutné si uvědomit, že metoda není všespásná. Využitelná je pouze v případě, kdy existuje rozdíl ve velikosti genomu studovaných organismů či v případě různých reprodukčních strategií. Tento metodický přístup také většinou nelze aplikovat sám o sobě, ale jde ruku v ruce s dalšími biosystematickými nástroji, jako např. mnohorozměrnou morfometriku, genetickými analýzami, karyologií. Kombinací uvedených technik lze efektivně provádět výzkum chráněných a ohrožených druhů rostlin a navrhnout případná ochranná opatření (např. výběr populací určených k prioritní ochraně) k dlouhodobému udržení a stabilizaci jejich populací.

## Poster

### **Polyploidní komplex česneku latnatého (*Allium paniculatum* L.) a jeho příbuzenstvo (*Allium* sekce *Codonoprasum* Reichenb.): budou se přepisovat klíče?**

Kateřina Vojtěchová<sup>1</sup>, Michaela Jandová<sup>2</sup>, Miloslav Kitner<sup>1</sup>, Martina Oulehlová<sup>1</sup> & Martin Duchoslav<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Katedra botaniky PŘF UP, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc; katka.vojtechova@seznam.cz, miloslav.kitner@upol.cz, martina.oulehlova@upol.cz, martin.duchoslav@upol.cz

<sup>2</sup>Botanický ústav AV ČR, Zámek 1, 252 43 Průhonice; jandova2michaela@gmail.com

Sekce *Codonoprasum* představuje v rámci rodu *Allium* evolučně mladou skupinu geofytních rostlin, jejichž zásobním orgánem je tzv. pravá cibule a které se poznají podle dvoucípého toulce s nestejně dlouhými cípy. Sekce je rozšířena od afrického pobřeží Středozemního moře přes celou Evropu po Kavkaz. Zástupci sekce vykazují velkou rozmanitost ve stupních ploidie a osídlují různá stanoviště, nicméně pro nezkušené oko vypadají velmi podobně, což je obzvláště patrné při studiu herbářových dokladů, kde se řada determinačních znaků ztrácí či stírá. Jejich studium tedy vyžaduje podrobnou práci se živým materiálem a studium i takových znaků, jako je barva a struktura obalných šupin cibule. Vzhledem k množství popsaných druhů (> 70) řazených do této sekce se v taxonomické literatuře objevují snahy tyto taxony seskupovat do několika neformálních komplexů. Jedním z nich je i polyploidní komplex *A. paniculatum*.

Samotný druh *A. paniculatum* L. byl až do nedávna považován za široce rozšířený druh v celé mediteránní oblasti, svojí morfologickou variabilitou zastřešující dalších přibližně třicet morfologicky velmi podobných taxonů (druhů, poddruhů) s nejasnými areály. Velmi dobře to dokumentují určovací klíče jednotlivých evropských zemí s výskytem zástupců této sekce, které se vzájemně odlišují použitými koncepcemi/jména. Nakolik je tato situace způsobena velkou vnitrodruhovou variabilitou některých taxonů spojenou s nepřehledností používaných jmen a/nebo skutečně existující taxonomickou diverzitou je stále nepříliš jasné. Situace je navíc komplikována tím, že každým rokem jsou z mediteránní oblasti popisovány 1–4 nové druhy z této sekce, převážně však na základě studia jedné populace. Narůstající počet popisovaných taxonů a nedostatek studií zabývajících se fylogenezí zástupců této sekce tak dělá z této sekce jednu z taxonomicky nejkomplicovanějších skupin česneků.

Studie si klade za cíl rozklíčovat – pomocí srovnávacího studia morfologie, anatomie listů včetně povrchových struktur na listu a s využitím molekulárních metod (AFLP, cpDNA) – vztahy vybraných blízce příbuzných taxonů z komplexu *A. paniculatum* s většími areály (zejména *A. paniculatum*, *A. podolicum* a *A. fuscum*; dále *A. carinatum*, *A. dentiferum*, *A. flavum*, *A. karsianum*, *A. oleraceum*, *A. oporinanthum*, *A. pallens*, *A. pseudotelmatum*, *A. rhodopeum*, *A. rupestre*, *A. telmatum*). Studium morfologie, anatomie listu a povrchových struktur na epidermis listu by dále mělo pomoci k nalezení dalších znaků, které by umožnily snazší identifikaci těchto obtížně determinovatelných taxonů. Předběžné výsledky například ukazují, že koncept širokého druhu *A. paniculatum* je chybný a nadále neudržitelný, mj. středoevropské populace označované tímto názvem reprezentují ve skutečnosti nejméně jeden samostatný taxon na druhové úrovni, pro něž existují v literatuře minimálně dvě vhodná jména.

Poznámky:

Poznámky:

Poznámky:





Česká botanická společnost, z. s., 2018