

TÉMATA BAKALÁŘSKÝCH A DIPLOMOVÝCH PRACÍ

ODDĚLENÍ CÉVNATÝCH ROSTLIN

KATEDRA BOTANIKY

JARO 2014

Bližší informace: T. Fér (tomas.fer@centrum.cz) + vedoucí jednotlivých DP

Níže uvedené návrhy představují možná témata bakalářských a diplomových prací, které lze na našem oddělení zpracovávat. Jedná se o náměty, které jednotliví vedoucí považují za smysluplné a které mají potenciál přinést v rozumném časovém období zajímavé výsledky. Rozhodně se však nejedná o témata jediná možná; pokud byste se rádi věnovali jinému (zde neuvedenému) problému, neváhejte kontaktovat členy oddělení, kteří Vám poradí a Váš záměr buď podpoří, nebo se pokusí ho rozmluvit...

Témata jsou rozdělena do čtyř okruhů (polyploidní komplexy, fylogeneticko-biogeografická témata, invazní rostliny a různé), nicméně členění je pouze umělé a řadu témat by bylo možné zařadit do více než jednoho okruhu.

Bakalářské práce lze zpracovávat jako:

- (i) literární rešerši vztahující se k dané problematice
- (ii) kombinaci literární rešerše a experimentální činnosti (ideální případ)
- (iii) rešerše metodického přístupu k řešení dílčího souboru otázek nastolených v návrhu

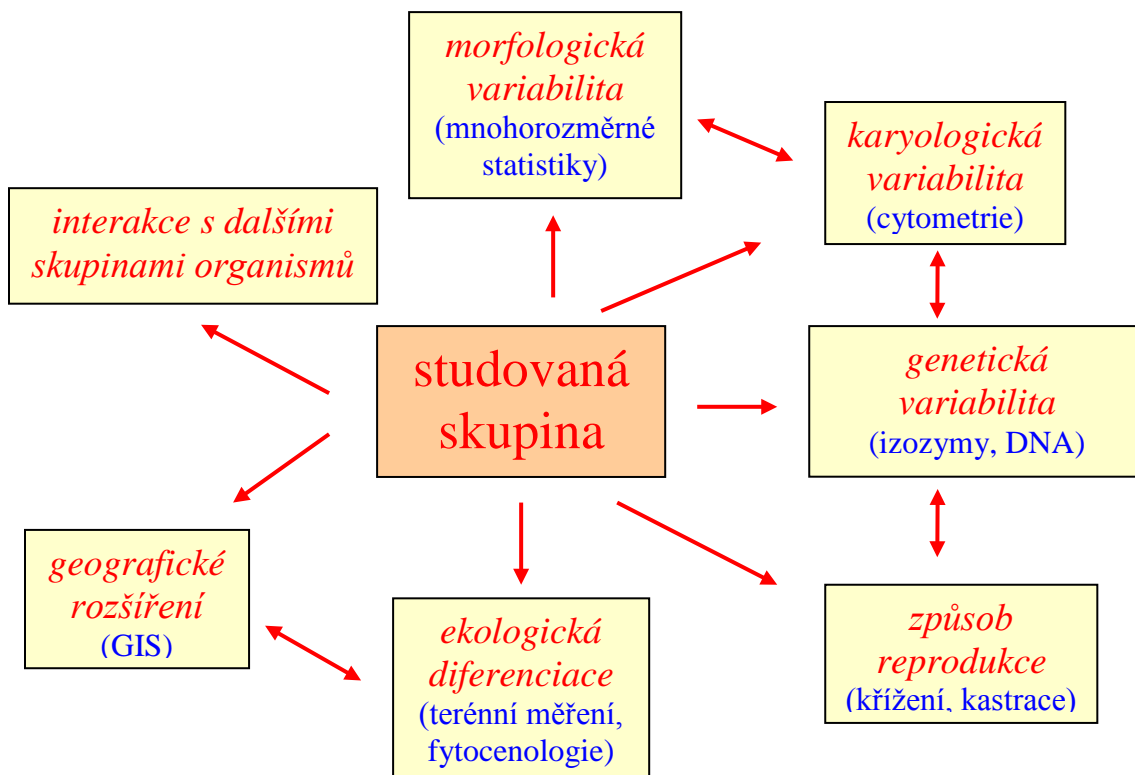
Konkrétní forma se bude odvíjet od zvoleného tématu a domluvy s vedoucím práce.



Nabízená témata zahrnují studium nejrůznějších okruhů cévnatých rostlin, při kterém je využíváno řady klasických i moderních metod. Lze si zvolit téma s různým zaměřením, od ekologického až po čistě molekulární. Většina témat v sobě zahrnuje studium variability příslušného druhu (druhového komplexu, příp. rodu) na různých úrovních a nabízí se využití celé řady technik, např.:

- **průtoková a obrazová cytometrie** – cytometrické postupy umožňují velmi rychlé, jednoduché a spolehlivé stanovení stupně ploidie či velikosti jaderného genomu, což dovoluje elegantně analyzovat rozsáhlé populační vzorky
- **karyologické analýzy** – určení počtu chromozómů, příp. podrobnější charakterizace karyotypu
- **mnohorozměrné morfometrické analýzy** – mnohorozměrné statistické postupy eliminují subjektivní pohled a nabízejí tak kritické zhodnocení morfologické variability
- **izozymové analýzy** – stanovení vnitro- a mezipopulační genetické variability, míry klonality, atd. na základě molekulárních markerů s kodominantním projevem
- **molekulární analýzy** (sekvenování DNA, AFLP, mikrosatelity...) – rekonstrukce fylogeneze, určení genetické variability, stanovení počtu polyploidizačních událostí, odlišení migrace pomocí semen a pylu, sledování rozšíření jednotlivých haplotypů...
- **studium způsobů reprodukce** – experimentální hybridizace, kastrace, význam neredukovaných gamet...
- **fytoecologické snímkování** – sledování shod a rozdílů v charakteru vegetačního krytu
- **ekologická měření** – sledování abiotických charakteristik stanovišť...
- ...

Schéma jednotlivých metodických postupů a jejich vzájemné návaznosti:



Polyploidní komplexy

Polyploidizace patří mezi základní mikroevoluční procesy probíhající v rostlinných populacích. Odhady hovoří, že až 70 % všech cévnatých rostlin se vyvinulo právě tímto způsobem. Valná většina polyploidů navíc vznikla (a stále vzniká) opakovaně, přičemž jednotlivé linie mohou vykazovat soubor jedinečných charakteristik. Prosté znásobení počtu chromozómů se projevuje prakticky na všech sledovaných úrovních: od genetické variability, přes intenzitu fyziologických pochodů a hladinu obsahových látek, morfologickou variabilitu, fenologii a způsob reprodukce, až po rozdílné kompetitivní schopnosti jednotlivých cytotypů, jejich ekologické preference a geografické rozšíření.

Taxonomická studie *Cardamine dentata* v Čechách a v Polsku

Vedoucí: Karol Marhold (botukmar@savba.sk)



Cardamine dentata patří do problematického komplexu *C. pratensis* agg. Druh má variabilní počet chromozómů, který se pohybuje od cca 46 výše. Tento znak ji odlišuje např. od vlastní *C. pratensis*, která má max. do 40 chromozómů. Počty mezi mohou představovat křížence. Z naší republiky jsou k dispozici počty od A. Krahulcové a P. Tomšovic, na které by bylo možné navázat. *C. dentata* se s určitostí vyskytuje i v Polsku, karyologické ověření zdejších populací však dosud nebylo provedeno.

Cíle:

- karyologické ověření polských populací (nutno trpělivost, chromozómy jsou dosti malé)
- hledání hybridních rostlin mezi *C. dentata* a *C. pratensis*
- morfometrická analýza karyologicky ověřených rostlin

Cytometrická studie rodu *Cardamine* v evropském areálu

Vedoucí: Karol Marhold (botukmar@savba.sk)



V současné době je stále nedostatek studií, které se zabývají množstvím jaderné DNA u většího počtu druhů v rámci rodu, potažmo variability DNA v rámci širšího geografického areálu. Ve stádiu hypotéz se též pohybuje otázka příčin různého množství DNA u blízké příbuzných druhů. V rámci širšího projektu studia rodu *Cardamine* v Evropě je momentálně k dispozici rozsáhlý materiál mnoha druhů zejména z mediteránu (od Španělska po Kavkaz). Cílem DP je zjištění absolutního obsahu jaderné DNA metodou průtokové cytometrie a snaha najít možnou korelaci mezi evolučními vztahy taxony rodu *Cardamine* a množstvím jaderné DNA.

Dynamika hyporeduplikace v genomu orchidejí

Vedoucí: Jan Suda (suda@natur.cuni.cz), konzultant: Jan Ponert



V pletivech mnoha rostlinných druhů dochází k endoreduplikaci (zdvojení obsahu jaderné DNA bez následné mitózy). U orchidejí se však kromě úplné reduplikace vyskytuje i tzv. hyporeduplikace, kdy se neduplikuje celý genom, ale jen jeho část (v závislosti na konkrétním druhu činí proporce c. 25-95%). Na rozdíl od celogenomové reduplikace existuje o hyporeduplikaci jen minimum údajů. Cytometrický screening napříč celou čeledí umožnil získat představu o četnosti typické reduplikace/hyporeduplikace v listových pletivech jednotlivých evolučních linií orchidejí. Cílem práce je pomocí průtokové cytometrie zjistit charakter (hypo)reduplikace v různých

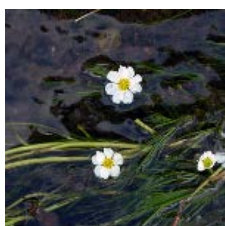
rostlinných pletivech (vegetativních i generativních) a v průběhu ontogeneze u vybraných druhů orchidejí lišících se ekologickými a cytogenetickými charakteristikami. Studium bude probíhat ve spolupráci s Botanickou zahradou hlavního města Prahy.

Cíle:

- Jak se liší charakter (hypo)reduplikace v různých pletivech a během ontogeneze?
- Koreluje charakter (hypo)reduplikace s dalšími cytogenetickými (velikost genomu, stupeň ploidie) či ekologickými vlastnostmi (růstová forma, areál)?
- Ovlivňují charakter (hypo)reduplikace konkrétní kultivační podmínky?

Jak se cytotypová variabilita *Batrachium fluitans* odráží v jeho ekologických a fenotypových charakteristikách?

Vedoucí: Zdeněk Kaplan (zdenek.kaplan@ibot.cas.cz), Pavel Trávníček



Batrachium fluitans (lakušník říční) je dalším druhem, který vykazuje cytotypovou diferenciaci. Na našem území byly dosud zjištěny 2 ploidní úrovně (diploidní, triploidní), zahraniční prameny udávají i tetraploidy. Předběžné údaje ukazují, že oba cytotypy mohou růst v téže geografické oblasti (Ralsko). Druh se vyskytuje ve většině českých řek (zejména v oblasti termofytika a mezofytika), z hlediska jeho biologie je zajímavá skutečnost, že se nejspíše rozmnožuje výhradně vegetativně. Podrobnější údaje o geografické distribuci jednotlivých ploidních úrovní, potenciálním společném růstu, ekologických nárocích cytotypů či jejich morfologické diferenciaci však stále nejsou známy.

Práce sestává zejména z terénního sběru populací (vzhledem k růstu druhu v řekách a ve větších potocích by si zájemce měl libovat v mokré obuvi a oděvu, vítáni jsou vodáci), sledování stanovištních poměrů, stanovení ploidie pomocí průtokové cytometrie a morfometrického zpracování.

Cíle:

- jaká je rozšíření jednotlivých cytotypů *B. fluitans*? Lze v jednom povodí odhalit více cytotypů nebo jen jediný?
- vykazují jednotlivé cytotypy určité stanovištní preference / ekologickou diferenciaci?
- jaké morfologické znaky jsou korelovány se stupněm ploidie?

Geografická partenogéza a cytotypová variabilita v rodu *Hieracium* s. str. – metaanalýza.

Vedoucí: Patrik Mráz (mrazpat@natur.cuni.cz)



Agamospermia (apomixia) je asexuální typ rozmnožování prostřednictvím semen a vyskytuje se v 21 čeladiach cievnatých rastlín, najčastejšie v Asteraceae, Poaceae a Rosaceae. Mnohé agamospermické druhy osídľujú väčšie územie a ich areály ležia často severnejšie ako je to u ich blízko príbuzných sexuálnych druhov. Takýto patern sa nazýva geografická partenogéza. Bolo navrhnutých viacero hypotéz, ktoré by mohli vysvetliť väčšiu kolonizačnú schopnosť apomiktov, ako napr. výhoda rozmnožovania jedného rodiča (uniparental reproduction; „Bakrov zákon“), hypotéza zmrazenej niky (frozen niche hypothesis; mnoho ekologicky úzko špecializovaných klonov je schopných spolu osídliť väčšiu niku ako sexuálne genotypy), „general-purpose-genotype hypotéza“ (jeden veľmi plastický klon osídľuje veľký areál). V súčasnosti však máme len veľmi málo poznatkov nielen o platnosti týchto hypotéz ale aj o geografických paternoch v sexuálno-apomiktických komplexoch.

Rod *Hieracium* (jastrabník) je rodom s holarktickým rozšírením pričom väčšina druhov je

tri- resp. tetraploidná a rozmnožuje sa apomikticky. Len zlomok druhov je diploidných a tie sa rozmnožujú sexuálne. Navyše sa zdá, že areály diploidov sú menšie a vyskytujú sa skôr v južnejších zemepisných šírkach, avšak akákoľvek kvantifikácia a štatistické porovnanie chýba. Cieľom tejto štúdie je:

(i) pripraviť databázu chromozómových počtov a ploidných úrovní a ich geografických lokácií, spolu s inými vybranými charakteristikami (morfologickými a ekologickými) v rode *Hieracium* s.str.

(ii) pre vybrané druhy získať podrobnejšie rozšírenie najmä na základe literárnych a herbárových údajov

(iii) štatisticky porovnať vybrané charakteristiky sexuálnych a apomiktických druhov

Práca je vhodná pre bakalárskeho študenta s možným pokračovaním na magisterskom stupni.

Kolonizácia nových stanovišť a vplyv S-alel a sporofytickej self-inkompatibility.

Vedoucí: Patrik Mráz (mrazpat@natur.cuni.cz)



Osídľovanie nových stanovišť je často sprevádzané silným “bottleneck” efektom, kedy sa len málo jedincov podieľa na založení novej populácie. U striktno self-inkompatibilných (cudzoopelivých) druhov, teda tých, ktoré potrebujú k produkcii potomstva iného jedinca, silné príbuzenské kríženie v malej populácii môže viesť k zníženiu celkovej viability populácie (“inbreeding depression”) a dokonca až k jej zániku. Úspešné kríženie medzi jedincami u striktno cudzoopelivých druhov a teda aj ich osídľovacej schopnosti však záleží aj na počte tzv. S alel (kontrolujúcich kompatibilitu krížiacich sa jedincov) v populácii. Čím je počet S-alel v populácii väčší, tým je väčšia šanca, že väčší počet alel sa môže preniesť aj do jedincov zakladajúcich novú populáciu.

Z paternu rozšírenia striktno cudzoopelivých diploidov a tetraploidov komplexu nevädze porínskej (*Centaurea stoebe*) nielen v jej pôvodnom areáli (západná Ázia a Európa) ale aj v jej nepôvodnom (Severná Amerika) sa zdá, že tetraploidný cytotyp je lepším kolonizátorom nových stanovišť ako diploidný cytotyp. Jedným z dôležitých faktorov ovplyvňujúcich úspešné založenie a prežívanie novej populácie môžu byť aj S-alely. Vzhľadom na ploidnú úroveň a navyše hybridogénny pôvod tetraploidného cytotypu predpokladáme, že počet S-alel u tetraploidov bude ďaleko vyšší ako u diploidov, a tým ich kolonizačná schopnosť bude vyššia. Počet S-alel budeme zisťovať v experimentálnom krížení medzi jedincami pochádzajúcich z veľkých a malých populácií di- a tetraploidov pochádzajúcich zo Slovenska, ktoré sú už sledované na vplyv príbuzenského kríženia (tento experiment bol založený v spolupráci s Univerzitou v Halle v Nemecku a s Univerzitou vo Fribourgu vo Švajčiarsku).

Práca je vhodná pre bakalárskeho študenta s možným pokračovaním na magisterskom stupni, resp. pre PhD študenta (v tomto prípade v spojení s nasledujúcou témou).

And the winner takes it all ... Kto je lepším kolonizátorom – monokarpické diploidy alebo polykarpické tetraploidy z komplexu *Centaurea stoebe* s.l.? Demografické pozorovania a experiment.

Vedoucí: Patrik Mráz (mrazpat@natur.cuni.cz)



Komplex nevädze porínskej (*Centaurea stoebe* s.l.) zahŕňa diploidný a tetraploidný cytotyp, Oba cytotypy sa vo svojom pôvodnom areáli (Európa a západná Ázia) vyskytujú sympatricky, avšak v zväčša v cytotypovo čistých populáciách. V sekundárnom areáli v Severnej Amerike boli spoľahlivo dokázané len tetraploidné populácie. Takýto patern môže byť spôsobený lepšou osídľovacou schopnosťou krátko žijúcich polykarpických (produkujúcich semená opakovane počas životného cyklu) tetraploidov, pričom diploidy sú spravidla dvojročné a monokarpické

(tvoriacimi potomstvo len raz za život, po vysemenení hynú) alebo môže byť vysvetlený náhodným “founder” efektom.

Cieľom práce je porovnanie osídľovacej schopnosti di- a tetraploidov na umelo vytvorených disturbovaných plochách a sledovanie demografických aspektov oboch cytotypov počas 3-4 rokov, ako aj sledovanie demografie a zmien v priestorovej štruktúre cytotypov v zmiešaných prírodných populáciách (na Slovensku). Práca vhodná pre bakalárskeho študenta s presahom na magisterský stupeň, resp. pre PhD študenta (v tomto prípade v spojení s predchádzajúcou témou).

Reprodukční systémy a polyploidie u *Cystopteris fragilis* agg.

Vedoucí: Tomáš Urfus (tomas.urfus@seznam.cz), konzultant: Kristýna Hanušová



Puchýřník křehký (*Cystopteris fragilis* agg.) je jednou z posledních záhadných skupin kaprad'orostů ve střední Evropě. Za pravděpodobnou příčinu jeho variability lze považovat kombinaci polyploidie (4x, 5x, 6x a 8x) a různých reprodukčních způsobů (předpokládaný výskyt apomixie, resp. apogamie). Dle předběžných výzkumů je na území střední Evropy překvapivě velký podíl smíšených populací (4x a 6x), což lze jen obtížně vysvětlit. Smíšené populace je proto nutné podrobit intenzivní studii ploidní úrovně a reprodukčních způsobů.

Příbuzenské vztahy v rámci skupiny *C. fragilis* jsou stále nejasné a měly být stanoveny pomocí molekulárních přístupů (analýza mikrosatelitů). Propojení všech získaných dat umožní zásadním způsobem nahlédnout do variability skupiny i recentně probíhajících procesů v jejích jednotlivých populacích. Pro vypracování práce se předpokládá přibližně stejný díl terénní a laboratorní práce (průtoková cytometrie, kultivace gametofytů, analýzy mikrosatelitů).

Cíle/otázky:

- Jaké je detailní cytotypové složení vybraných populací *C. fragilis* agg.?
- Jaké je proporční zastoupení ploidií v potomstvu a jak vysoký je podíl apomiktického rozmnožování? Který faktor je určující pro hojný výskyt ploidně smíšených populací?
- Jsou některé morfologické znaky korelovány se stupněm ploidie?
- Lze na základě analýzy mikrosatelitů stanovit fylogenezi skupiny?

Experimentální hybridizace ve skupině *Sorbus aria*

Vedoucí: Tomáš Urfus (tomas.urfus@seznam.cz), konzultant: Jana Bílá



Sorbus aria agg. (jeřáb muk) je značně komplikovaná skupina našich dřevin, která se díky výskytu apomiktického rozmnožování zásadním způsobem podílí na vzniku stenoendemických druhů flóry ČR. Procesy evoluce a následné speciace jsou však v této skupině stále neznámé. Lze předpokládat, že zásadní podíl na vzniku nových druhů zde má zejména hybridizace a polyploidizace kombinované s různými způsoby rozmnožování (apomixie, haploidní partenogeneze a sexualita). Podobné otázky lze nejlépe zodpovědět pomocí experimentálních hybridizací, které lze díky možnosti roubování uskutečnit i u dřevin.

Navazující terénní práce (kombinovaná s průtokovou cytometrií) bude kromě území ČR soustředěna zejména na Slovensko a část Maďarska, které představují dosud nepoznané centrum diverzity skupiny. U získaného rostlinného materiálu budou posléze studovány příbuzenské vztahy pomocí analýzy mikrosatelitů (SSR).

Cíle/otázky:

- Jaké složení potomstva poskytuje křížení rodičovských kombinací s různými ploidiemi? Jaké jsou podíly sexuálně a apomikticky vzniklého potomstva, příp. vzácnějších typů rozmnožování?

- Jaký vysoká je účast neredukovaných gamet na reprodukčním procesu a liší se jejich frekvence mezi rodičovskými druhy?
- Lze pomocí cytometrie a analýzy mikrosatelitů napomoci k uchopení variability rodu na území střední Evropy se zvláštním přihlédnutím k panonské oblasti?

Vliv stupně ploidie na interakce rostlin s dalšími organismy (opylovači, symbionti, herbivoři, paraziti)

Vedoucí: Zuzana Münzbergová (zuzmun@natur.cuni.cz)



Existence různých cytotypů v rámci téhož druhu otevírá jedinečnou možnost studovat vliv ploidního stupně na interakce mezi rostlinou a jejími opylovači, symbionty (např. mykorhizními houbami), herbivory (hmyzem) a parazity (např. rzemi). Ačkoliv evoluce vztahů mezi různými cytotypy a dalšími skupinami organismů může hrát významnou roli při strukturování terestrických ekosystémů, studií zabývajících se uvedeným problémem je mizivý počet. Cílem studia je zjistit: 1) zda-li vybrané skupiny symbiotických či parazitických organismů “dovedou čist” rozdíly spojené se změnou stupně ploidie a preferují tedy určité cytotypy, 2) jaké vlastnosti cytotypů (morfologické, anatomické, sekundární metabolity, ...) jsou určující pro vznik takových vazeb.

Diplomová témata budou probíhat ve spolupráci s katedrou zoologie PřF UK, oddělením bezcévných rostlin katedry botaniky či Botanickým ústavem AV ČR Průhonice.

Role diploidních sexuálních typů v mikroevoluci apomiktických komplexů - studie vybraných typů *Hieracium* subgen. *Hieracium*

Vedoucí: Jindřich Chrtek, BÚ AV ČR Průhonice (chrtek@ibot.cas.cz)



Hieracium subgen. *Hieracium* zahrnuje v současné době vesměs polyploidní, apomikticky se rozmnožující typy. Sexualita je omezena pouze na diploidní typy (populace), kterých je sice velmi málo, ale v současné době mají zásadní význam v diferenciacích a mikroevolučních procesech. Práce je zaměřena na experimentální křížení (1) dvou sexuálních diploidů *H. alpinum* x *H. transsilvanicum* a *H. alpinum* x *H. umbellatum* (reciproká křížení) a (2) pyl produkujícího apomiktického tetraploida se sexuálním diploidem. Experimentálně získané rostliny následně porovnat s v přírodě rostoucími typy vzniklými pravděpodobně křížením stejných rodičovských druhů. Žádná podobná studie v *Hieracium* subgen. *Hieracium* dosud není, jednalo by se tedy mimo jiné i první důkaz možnosti recentní hybridizace v tomto podrodu.

Srovnání ekologické úspěšnosti sexuálních a apomiktických rostlin

Vedoucí: František Krahulec, BÚ AV ČR Průhonice (krahulec@ibot.cas.cz)



Srovnání úspěšnosti apomiktických a sexuálních rostlin je většinou komplikováno skutečností, že se liší ploidii: apomikté jsou polyploidy, sexuální rostliny diploidy. Mezi zástupci jestřábníků podrodu *Pilosella* je však celá řada druhů či hybridogenních druhů, kde je možno najít sexuální i apomiktické rostliny na stejné ploidní úrovni. Proto výše uvedená problematika přímého srovnání není ovlivněna ploidii a je možno dělat přímé srovnání ekologické úspěšnosti.

Původ polyploidie u jestřábníků: produkují hybridy diploidních jestřábníků častěji neredukované gamety než rodiče?

Vedoucí: František Krahulec, BÚ AV ČR Průhonice (krahulec@ibot.cas.cz)



Diploidní zástupci jestřábníků z podrodu *Pilosella* mají extrémně pravidelnou meiosu a z tohoto důvodu neprodukují neredukované gamety ve snadno detekovatelných frekvencích. Je pravděpodobné, že jejich hybridy se chovají odlišně a proto by bylo možno využít cílené hybridizace a analýzy potomstva pro vzájemné srovnání druhů a hybridů z hlediska frekvence neredukovaných gamet, které znamenají start polyploidizačního procesu.

Ploidní variabilita v rámci *Chenopodium album* agg.

Vedoucí: Bohumil Mandák, BÚ AV ČR Průhonice (mandak@ibot.cas.cz)



Rod *Chenopodium* je z taxonomického hlediska velmi nedokonale prozkoumán. Zejména druhy patřící do skupiny *C. album* agg. jsou značně proměnlivé a v některých případech od sebe obtížně odlišitelné. Příčinou je (1) vysoký podíl autogamie, (2) přítomnost několika ploidních hladin, (3) neznámá schopnost hybridizace mezi jednotlivými autogamickými liniemi a ploidními hladinami a (4) vysoká fenotypová plasticita. Skupina *C. album* agg. vytváří polyploidní komplex, jež je na území ČR reprezentován dvěma diploidními ($2n=2x=18$) – *C. suecicum* a *C. ficifolium*, dvěma tetraploidními ($2n=4x=36$) – *C. strictum* a *C. striatiforme* a třemi hexaploidními druhy ($2n=6x=54$) – *C. album* s.s., *C. opulifolium* a *C. pedunculare*. Vymezení jednotlivých druhů je problematické a málo prozkoumané. Nevíme téměř nic o vazbě jednotlivých morfotypů na ploidní hladiny, neznámá je úloha hybridizace, podíl kříženců v populacích či možnost zpětného křížení a introgrese.

Cíle (jednotlivé body jsou spíše témata pro samostatné diplomové práce):

1. Jaké ploidie merlíků rostou na území ČR?
2. Jak silná je vazba jednotlivých ploidních úrovní na morfologii?
3. Existují mezi jednotlivými ploidními stupni spontánní kříženci?
4. Jak vysoká je fenotypová plasticita různých ploidí?
5. Jaký je podíl autogamie v populacích různých druhů o různých ploidních hladinách?

Analýza rodičovských vztahů uvnitř komplexu *Chenopodium album* agg. pomocí nového molekulárního markeru

Vedoucí: Helena Štorchová, ÚEB AV ČR Praha-Lysolaje (storchova@ueb.cas.cz)



Současným trendem moderní taxonomie je hledání a využívání jaderných markerů pro objasnění fylogenetických souvislostí a pro identifikaci rodičovských taxonů u polyploidních druhů. Podařilo se nám najít velmi dobrý marker, odlišující populace i druhy v rámci komplexu *Chenopodium album* agg., a to třetí intron genu *FTL1* (homolog *FLOWERING LOCUS T*, klíčový gen regulace kvetení, kóduje faktor zvaný florigen). Aplikujeme tento marker pro objasnění původu *Chenopodium quinoa*, ve spolupráci s Brigham Young University, Provo, Utah, USA. Nicméně tento marker je vhodný pro studium všech druhů v rámci komplexu *Chenopodium album* agg., možná i ostatních druhů rodu *Chenopodium*. Diplomant si může vybrat okruh druhů, kterými se bude zabývat, zajímavé je srovnání druhů zavlečených k nám z USA a jejich protějšků z amerického kontinentu. Případnou hybridizaci zavlečených a domácích druhů z tohoto okruhu dosud nebylo možno studovat, nyní máme v rukou molekulární

nástroj, který to umožní. Je zajištěna spolupráce s taxonomy, kteří určí jednotlivé taxony (dr. Rick Jellen z USA a dr. Jiří Dostálek z Průhonic).

Vlastní práce spočívá v PCR amplifikaci *FTLI* intronu, klonování fragmentů v plazmidu, sekvenování a fylogenetické analýze (PAUP, MrBayes). Jsou možné i exkurze do oblasti květní biologie *C. quinoa* a *C. rubrum*, včetně studia genové exprese nejmodernějšími metodami. Diplomová práce je vhodná pro odvážné studenty- studentky, kteří se nebojí laboratoře a chápou, že to nejzajímavější se odehrává na hranici zelené a bílé biologie.

Literatura:

Štorchová H. (2009): Merlík červený – staronový model pro studium regulace kvetení. *Živa* 2, 53-55.

Štorchová H. (2008): Molekulární genetika rozluštila záhadu florigenu, faktoru navozujícího kvetení. *Živa* 3, 100-102.

Cháb D., Kolář J., Olson M.S., Štorchová H. (2008): Two Flowering Locus T (FT) homologs in *Chenopodium rubrum* differ in expression patterns. *Planta* 228: 929-940.

Fylogeneticko – biogeografická témata

Záhady v rodu *Crocus* v České republice

Vedoucí: Jindřich Chrtek, BÚ AV ČR Průhonice (chrtek@ibot.cas.cz)



V ČR jsou tradičně rozlišovány dva druhy šafránů – diploidní *Crocus albiflorus*, známý ze Šumavy, Novohradských hor, Krkonoš, menší arely na Valašsku a několika dalších izolovaných lokalit a tetraploidní *C. heuffelianus* (nebo *C. discolor*, pakliže je rozlišován na druhové úrovni) zasahující od východu do karpatských pohoří na v. Moravě a vyskytující se i v Orlických horách. Mnoho nejasností je spojeno už s těmito druhy (např. otázka původnosti *C. albiflorus* na Valašsku a v Krkonoších, nápadná mezipopulační variabilita rostlin označovaných jako *C. heuffelianus* – čím je způsobená?), navíc ale k těmto druhům přistupuje více populací nejasného taxonomického postavení, o kterých se tradičně soudí, že jde o vysazené zahradní hybridy, příp. vysazené rostliny dovezené z j. Evropy. Nicméně se ukazuje, že mnohé z těchto „zvláštních“ populací jsou navzájem morfologicky identické a situace bude možná jednodušší, než se na první pohled zdá.

Cíle práce:

- Morfologické studium našich populací, zjištění ploidní úrovně a velikosti genomu (zajímavé jsou např. krkonošské rostliny, které jsou podle prvních zjištění pouze diploidní, nicméně morfologicky značně variabilní a ne zcela shodné s diploidním *C. albiflorus*; na polské straně se ale naopak vyskytují polyploidy, odlišné ale od *C. heuffelianus*)
- Srovnání s karpatskými populacemi *C. heuffelianus* a alpskými *C. albiflorus*, případně s dalšími druhy, od kterých by mohly být naše další populace odvozeny.
- Studium genetické diverzity a diferenciace populací *C. albiflorus*.

Co vlastně je bříza karpatská (*Betula carpatica*)?

Vedoucí: Tomáš Fér (tomas.fer@centrum.cz)



Bříza karpatská je taxonem odlišovaným od břízy pýřité (*Betula pubescens*), se kterou také často, zvláště v horských polohách, pravděpodobně hojně hybridizuje. Kromě toho není vyloučena hybridizace s břízou bělokorou (*B. pendula*) a byl popsán i taxon *B. „petraea“*, o jehož původu se pouze spekuluje. To vše má za následek velkou variabilitu (horských) populací a nejasnosti při určování, o který druh jde.

Cíle práce:

- prozkoumat variabilitu tohoto okruhu bříz, včetně nejasných a provizorně popsaných taxonů
- morfometricky zhodnotit variabilitu jednotlivých populací a druhů
- zjistit, jestli a jak se jednotlivé druhy geneticky liší (velikost genomu, ploidie, sekvence DNA)
- využít analýzu mikrosatelitů pro definici jednotlivých druhů a detekci intenzity a směru hybridizace ve vybraných populacích

Jelikož břízy jsou pionýrskými dřevinami na pasekách v horských lesích a jsou lesnicky využívány při pěstování lesa, bude mít výsledek práce i praktický dopad. Lesníci potřebují vědět, s jakým druhem vlastně pracují, jaký je rozsah jeho variability, zda a jak se dá poznat a jestli jsou populace v jednotlivých pohořích natolik geneticky rozrůzněné, že je nutné používat místní, lokálně adaptované genotypy. Práce bude probíhat ve spolupráci s Lesnickou fakultou ČZU, kde se zabývají studiem populací břízy v Krkonoších a Jizerských horách.

Využití sekvenování DNA a AFLP fingerprintingu v molekulární systematice makaronéského rodu *Pericallis*

Vedoucí: Tomáš Fér (tomas.fer@centrum.cz)



Rod *Pericallis* je endemickým rodem makaronéské oblasti (Kanárské ostrovy, Madeira, Azory). Na každém ostrově roste jeden nebo několik endemických druhů, některé jsou si navzájem velmi podobné. Publikované nebo připravované studie založené na sekvenování ITS a tří nekodujících úseků chloroplastové DNA příliš nedokázaly odlišit některé druhy a zároveň naznačily hybridní původ některých druhů. Kromě sekvenování dalších úseků DNA (včetně specifických markerů pro příbuzný rod *Senecio*) bude v této práci využito i výhod AFLP fingerprinting, který je v současnosti standardní metodou používanou v molekulární systematice a vhodně doplňuje sekvenční data. Další otázkou je také zjištění vnitropopulační diverzity u vybraných druhů a podobností mezi populacemi. Z toho se dá usuzovat na možnosti šíření mezi populacemi nebo i jednotlivými ostrovy. Také k odpovědi na tyto otázky bude využita metoda AFLP. Materiál pro analýzy bude získán výsevem nasbíraných semen nebo vlastními sběry v makaronéské oblasti.

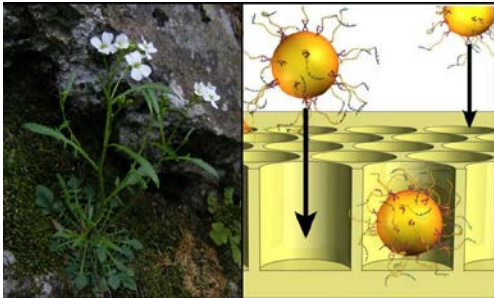
Genetická variabilita plavínu štítnatého (*Nymphoides peltata*) v rámci ČR a Evropy

Vedoucí: Tomáš Fér (tomas.fer@centrum.cz)



Plavín štítnatý je ohroženým druhem naší květeny. V současné době je podchycen jeho současný výskyt, na několika lokalitách je prováděn management, který umožňuje jeho přežívání a další šíření. Pro smysluplnou ochranu genofondu je potřeba znát rozsah genetické variability uvnitř jednotlivých populací a v rámci celé republiky. Také se z předběžných analýz zdá, že se u nás vyskytují dvě morfologicky odlišitelné formy. Rozsah variability (morfologické i genetické) by bylo dobré srovnat s rostlinami z okolních zemí, příp. celého areálu. Genetická variabilita bude hodnocena pomocí mikrosatelitových markerů, případně průtokové cytometrie.

Evoluční historie a využití nových molekulárních metod u nejbližších příbuzných rostlinného modelu *Arabidopsis thaliana* (okruh více možných prací)



Řeřišničníky (*Arabidopsis*, dříve řazené do samostatného rodu *Cardaminopsis*) jsou sesterskou skupinou k modelu rostlinné molekulární biologie – *Arabidopsis thaliana*. V kontrastu s podrobnými znalostmi tohoto modelového druhu víme o ostatních zástupcích rodu *Arabidopsis* velmi málo, a to přestože centrum jejich diverzity máme doslova za humny – ve střední Evropě. Nejméně probádanou skupinou je přitom okruh řeřišničníku písečného (*Arabidopsis arenosa*). Zatím víme, že zahrnuje zástupce s odlišnými počty chromozómových sad (diploidy a tetraploidy), které se společně vyskytují v centru diverzity tohoto komplexu – Karpatském oblouku. Zde se vyznačují velkou pestrostí v morfologii i ekologických preferencích – rostou od pahorkatin do vysokých hor, v bezlesí i v lesích a jsou schopni se šířit na druhotná stanoviště. Dosud však nevíme, jaké je rozšíření a vzájemné vztahy di- a tetraploidů, jaká je evoluční historie celého komplexu a dokonce ani kolik druhů okruh řeřišničníku písečného vlastně zahrnuje. Nabízené bakalářské a navazující magisterské práce mohou směřovat jak do terénně zaměřených oblastí evoluční ekologie, tak i k molekulární biologii (viz následující okruhy témat, v případě zájmu je samozřejmě možnost jejich úpravy). Vzhledem k podrobné znalosti příbuzného modelového druhu se budeme moci opřít o množství informací z genetiky i metod manipulace s těmito rostlinami. Zjištěné poznatky pak slibují obecné uplatnění v biologii rostlin. Náklady na projekt jsou na roky 2012-2015 pokryty financováním GAČR.

Evoluční ekologie a vztahy linií s odlišným stupněm ploidie

Vedoucí: Magdalena Lučanová (kubesovm@gmail.com), Filip Kolář (filip.kolar@gmail.com)

Bakalářská a magisterská práce bude zaměřena na studium evolučních procesů probíhajících na kontaktu jedinců s odlišnou ploidií – zjištění detailního rozšíření di- a tetraploidů ve vymezeném území, frekvence křížení mezi nimi, selekce proti triploidním hybridům apod. Další Bc. a Mgr. práce bude zacílená na objasnění morfologické variability karpatských rostlin, její srovnání s molekulárními a cytologickými daty a vymezení popř. popsání jednotlivých druhů v rámci okruhu *A. arenosa*. V rámci řešení práce budou využity následující metody:

- terénní výzkumy ve slovenských Karpatech (a v případě zájmu i rozšíření do Rumunska či na Ukrajinu)
- průtoková cytometrie, karyologie, morfometrika
- hybridizační experimenty a studium reprodukční biologie přírodních populací

Využití nových molekulárních technik ve studiu evoluce rostlin

Vedoucí: Eliška Závěská (zaveskae@email.cz)

Vzhledem k blízké příbuznosti s modelovým druhem *A. thaliana* se otevírají široké možnosti využití celé škály nových atraktivních metod, které jsou ve výzkumu planých rostlin zatím jen zřídka využívány. Bakalářská a magisterská práce bude zaměřena na průzkum možností využití některé z těchto nových molekulárních technik a její srovnání s výsledky již etablovaných metod v rostlinné evoluční biologii a biosystematicce. Získané výsledky pak budou využity v rekonstrukci evoluční historie celé skupiny *A. arenosa*.

V rámci práce mohou být využity některé z následujících metod:

- nové metody v molekulární ekologii rostlin – nová generace sekvenování (NGS), detekce *single-nucleotide polymorphisms* (SNPs), sekvenování single-copy jaderných genů
- srovnání s klasickými technikami molekulární ekologie – AFLP, mikrosatelity, sekvenování chloroplastové DNA
- možnost účasti na terénních i cytologických výzkumech

Genetická variabilita *Mimulus guttatus* ve střední Evropě

Vedoucí: Jindřich Chrtek, BÚ AV ČR Průhonice (chrtek@ibot.cas.cz), Tomáš Fér



Mimulus guttatus je severoamerický druh, přivezený do Evropy jako okrasná rostlina na počátku 19. století. Z našeho území pocházejí první doklady zhruba z poloviny 19. století, druh se s oblibou pěstoval zejména v horských oblastech a začínal zplaňovat, místy zdomácňovat a šířit se podél řek do nižších poloh. V současnosti je nejvíce rozšířen na březích a náplavech potoků a řek na sz. Šumavě a v jejím podhůří, více lokalit je ale např. i na Domažlicku, v horním Poohří, Podkrušnohoří, podhůří Brd, v Labských pískovcích, Podkrkonoší, v podhůří Hrubého Jeseníku i jinde, obecně zejména v horských a podhorských subatlantsky laděných územích. Nápadné jsou přitom značné rozdíly v četnosti výskytu v poříčí jednotlivých řek, které mohou být (kromě jiných příčin...) způsobeny i genetickými rozdíly a různou schopností šíření jednotlivých genotypů. Druh je vhodným modelovým příkladem pro studium genetické diferenciacce a uspořádání genetické variability podél vodních toků (růst genetické diverzity po proudu, příp. vyvrácení této hypotézy, druh je vedle hydrochorie i anemochorní), rychlosti šíření (v mnoha případech je poměrně přesně známa doba zplanění a začátek šíření) apod.

Cíle práce:

- zjistit genetickou diverzitu a diferenciaci na území ČR, případně sousedních území
- zjistit vztah mezi genetickou a geografickou vzdáleností a příp. genetické rozdíly mezi povodími vybraných řek
- zjistit vztah mezi genetickou diversitou a četností výskytu v určitém povodí
- pokusit se zkoumat další faktory potenciálně určující frekvenci výskytu v jednotlivých povodích (produkce semen, nabídka vhodných stanovišť, doba od počátku šíření, apod.)

Metodické přístupy: Analýza DNA (AFLP nebo mikrosatelity, cpDNA), analýza isoenzymů (část analýzy isoenzymů již byla provedena).

Molekulární analýza příbuzenských vztahů vybraných taxonů rodu *Potentilla*, zejména *P. collina* agg.

Vedoucí: Petr Havlíček (pethavlicek@seznam.cz), Tomáš Fér



V okruhu mochny chlumní (*P. collina*) existuje řada problematických hybridních a hybridogenních taxonů. Cílem této práce by bylo pomocí klasických (morfometrických) i moderních (cytometrických a molekulárních) metod jednoznačně definovat jednotlivé druhy a zjistit dynamiku tvorby hybridních a hybridogenních typů. Práce by vycházela z velmi dobré znalosti lokalit jednotlivých taxonů/typů. Práce kombinuje terénní sběry v rámci celé ČR, případně okolního území s cytometrickými a molekulárními (sekvenování, AFLP) analýzami.

Jak vznikaly hybridogenní (vedlejší) druhy v rodu *Hieracium* – monofyletický vs. polytopní původ

Vedoucí: Jindřich Chrtek, BÚ AV ČR Průhonice (chrtek@ibot.cas.cz)



Taxonomicky jsou v rámci rodu *Hieracium* rozlišovány jednak tzv. základní (hlavní) druhy, o kterých se předpokládá, že nejsou hybridního původu a tzv. vedlejší druhy, které zřejmě (na základě morfologických znaků) vznikaly hybridizací dvou nebo více základních druhů. Téměř naprostá většina vedlejších druhů jsou dnes polyploidní apomikti, rozmnožující a rozšiřující se nezávisle na rodičovských druzích. V mnoha případech pak mají poměrně velké geografické areály, v případě horských druhů zahrnující např. Alpy, Západní Karpaty a Krkonoše. Základní a nejzajímavější otázka se ale týká jejich původu – jsou monofyletické (tj. vznikly pouze jednou a pak se šířily do jednotlivých pohoří) nebo zahrnují morfologicky (téměř) stejné ale nezávisle na více místech vznikající (křížením rodičovských druhů) populace? Jsou některé apomiktické „klony“ rozšířeny ve více pohořích střední Evropy? Nebo má každé pohoří vlastní „klon“. Jako modelové příklady budou vybrány 2 horské hybridogenní druhy, rostlinný materiál je z ca 1/2 k dispozici.

Metodika: Analýza DNA (AFLP, cpDNA), isoenzymy, průtoková cytometrie (stanovení ploidie), zjištění způsobu reprodukce.

Podporují molekulární markery odlišování druhů zdrojovek (rod *Montia*) na základě skulptury semen?

Vedoucí: Zdeněk Kaplan, BÚ AV ČR Průhonice (kaplan@ibot.cas.cz), Tomáš Fér



Zdrojovky (rod *Montia*) jsou silně ohrožené a ustupující rostliny. Jejich taxonomické hodnocení a odlišování je prakticky založeno na jediném znaku – na rozmístění bradavčitých výrůstků na povrchu semen. U taxonomických hodnocení založených na velmi málo znacích obecně hrozí, že používaný znak není z evolučního hlediska relevantní a následně jsou rozlišovány fiktivní druhy. K odhalení skutečné genetické struktury a možnosti taxonomického hodnocení uvnitř této skupiny budou využity vybrané metodiky analýzy DNA.

Cíle práce:

- sběr rostlin v terénu a zjištění morfologické variability jejich semen
- vyhledání vhodného molekulárního markeru s adekvátní mírou variability
- analýzy DNA
- zjištění míry kontinuity vs. diskontinuity v genetické variabilitě na rodové úrovni
- porovnání míry korelace mezi skulpturou osemení a molekulárními daty

Cytometrická studie čeledi *Potamogetonaceae*

Vedoucí: Zdeněk Kaplan, BÚ AV ČR Průhonice (kaplan@ibot.cas.cz), Jan Suda



Ačkoliv je v rámci čeledi poměrně velká variabilita v počtu chromozómů, dosud nebyla zpracována studie variability obsahu jaderné DNA metodou průtokové cytometrie. Cytometrické postupy umožňují relativně snadné porovnávání vzorků i v těch případech, kdy je stanovení počtu chromozómů technicky obtížné. Poměrně často lze v přírodě nalézt křížence, k bezpečné identifikaci některých z nich je však potřeba využívat časově i finančně náročné molekulární analýzy. Alespoň v těch případech, kdy se rodičovské druhy liší ploidní úrovní, by však bylo možné provádět detekci potenciálních kříženců pomocí průtokové cytometrie a provádět tak rozsáhlejší screening v populacích a efektivněji odhalovat dosud nedetekovanou diverzitu.

Cíle práce:

- základní popis variability obsahu jaderné dna metodou průtokové cytometrie
- detekce kříženců s odlišným obsahem jaderné dna
- ověření počtu chromozómů vybraných vzorků
- pokusit se najít korelace mezi evolučními vztahy a velikostí genomu

Materiál:

Vzorky rdestů ze všech kontinentů jsou již nyní k dispozici na Experimentální zahradě BÚ v Průhonicích, pár kroků od cytometrické laboratoře. Další vzorky budou dosbírány v terénu.

Jak souvisí extrémní variabilita mitochondriálního genomu u *Silene vulgaris* s jejím způsobem rozmnožování (gynodioécie)? Genetický drift na úrovni organel. (Soubor několika námětů)

Vedoucí: Helena Štorchová, ÚEB AV ČR, Praha – Lysolaje (storchova@ueb.cas.cz)



Silene vulgaris se stala modelovou rostlinou pro výzkum gynodioécie (rozmnožovací způsob založený na společném výskytu samičích a hermafroditických rostlin v populacích) a cytoplazmatické pylové sterility (CMS) v přírodních populacích. Dosud však u ní nebyl popsán žádný gen zodpovědný za CMS. První práce specifikující možného kandidáta CMS u *S. vulgaris* vychází letos z naší laboratoře.

Gen pro CMS je genem mitochondriálním (mt) a jeho existence ovlivňuje dramatickým způsobem dynamiku mt genomu. Vysoký stupeň diverzity a polymorfismu mtDNA je zřejmě udržován selekcí závislou na frekvenci, která je spjata s rozmnožovacím způsobem gynodioécie. K testování této hypotézy plánujeme srovnat variabilitu v oblasti nekódující mtDNA v evropských populacích *S. vulgaris* a *S. latifolia* (dvoudomý druh). Populační studia budou provázena sekvenováním kompletního mt genomu vybraných haplotypů pomocí 454 sekvenování.

U *S. vulgaris* byl zjištěn častý výskyt mt heteroplazmie (výskyt dvou či více různých mt genomů v tomtéž jedinci), způsobené zřejmě paternálním přenosem mt genomu. Nalezli jsme dokonce jedince, kteří obsahují dvě velmi různé kopie *atp1* genu (podjednotka ATP syntetázy, esenciálního enzymu všeho živého), které se evolučně rozešly před několika miliony lety. Různorodá sekvence vedla k návrhu primerů, vhodných pro kvantifikaci pomocí qPCR. Tento nástroj umožňuje sledovat osud různých kopií mtDNA v jednotlivých orgánech rostliny v průběhu ontogeneze i jejich předávání následující generaci. Existují jevy jako genetický drift či bottlenecking v populacích organel v jedné rostlině? Naše primery dovolují též odlišit kvantitativně expresi z jednotlivých kopií *atp1* genu, což je v jiných systémech nemožné.

Je zřejmé, že z pestré palety studijních námětů si mohou vybrat studenti ekologického i molekulárního zaměření (obojí již není nutno od sebe oddělovat). Podmínkou je hluboký zájem o zvolené téma, pracovní nasazení, zodpovědnost, ochota naučit se mnoho nového.

Literatura

Sloan D.B., Müller K., McCauley D.E., Taylor D.R., Štorchová H. (2012): Intraspecific variation in mitochondrial genome sequence, structure, and gene content in *Silene vulgaris*, an angiosperm with pervasive cytoplasmic male sterility. *New Phytologist*, in press

Štorchová H., Müller K., Lau S., Olson M.S. (2012): Mosaic origins of a complex mitochondrial gene in *Silene vulgaris*. *PLoS ONE* 7: e30401.

Štorchová H. (2010): Tyčinky, pestíky a evoluce. Vývoj rozmnožovacích systémů kvetoucích rostlin. *Vesmír* 89: 50-51

Elansary H.O., Muller K., Olson M.S., Štorchová H. (2010): Transcription profiles of mitochondrial genes correlate with mitochondrial DNA haplotypes in a natural population of *Silene vulgaris*. *BMC Plant Biology* 10: 11

Štorchová H., Olson M.S. (2004). Comparison between mitochondrial and chloroplast DNA variation in the native range

of *Silene vulgaris*. *Molecular Ecology* 13: 2909-2919.

Fylogeografie vybraných druhů rodu *Loricaria* (Asteraceae) v rovníkových Andách

Vedoucí: Eva Dušková (jezanek@gmail.com)



Komparativní studie procesu vzniku a diverzifikace horské flóry v kontextu pleistocenních klimatických změn a topografie rovníkových And na příkladu 2 blízce příbuzných druhů s podobnými stanovištními nároky, ale kontrastním geografickým rozšířením. Otestování hypotézy o odlišné migrační historii těchto dvou druhů bude využívat aplikace moderních molekulárních technik (AFLP, sekvenování DNA) na materiálu, který byl sesbíráán v letech 2008-2009. Financování projektu je zajištěno.

Tématický okruh: Invazní rostliny

Jak ovlivňuje semenné rozmnožování expanzibilitu rostlin?

Vedoucí: Zdenka Hroudová, BÚ AV ČR Průhonice (hroudova@ibot.cas.cz)



Srovnáním produkce semen včetně možnosti self-inkompatibility u několika druhů lišících se v četnosti výskytu, velikosti areálu a ekologické amplitudě zjistíme, zda tyto jejich vlastnosti korelují s efektivitou semenného rozmnožování.

Studovaný materiál: Evropské druhy r. *Bolboschoenus* – *B. maritimus*, *B. planiculmis*, *B. laticarpus*, *B. yagara*, případně i *B. glaucus* (všechny jsou v kultuře v BÚ v Průhonicích). Všechny tyto druhy se rozmnožují vegetativně (podzemními hlízkami) i semeny, není však známa schopnost jejich semenného rozmnožování a jak se může promítat do jejich šíření a frekvence výskytu.

Co víme: Víme, že u *B. maritimus* existuje částečná self-inkompatibility, tj. k dosažení plné plodnosti potřebují rostliny sprášení pylem odlišného genotypu (vzdálené populace). Jsou známy další faktory ovlivňující úspěšnost semenného rozmnožování (plovatelnost semen, klíčivost za definovaných podmínek, podmínky přežívání semenáčků).

Co nevíme: Jaká je produkce semen v populacích studovaných druhů? Je plodnost omezena self-inkompatibilitou také u některých dalších druhů?

Předpoklad: Omezení produkce semen self-inkompatibilitou se projevuje u osamocených populací na okraji areálu nebo u populací izolovaných stanovištích, a snižuje možnost šíření na delší vzdálenosti (*B. maritimus* a *B. glaucus*). U expanzivních a plevelných druhů (*B. laticarpus*, *B. planiculmis*) lze předpokládat vyšší produkci semen i při sprášení pylem v téže populaci.

Postup: Stanovení produkce semen v přírodních populacích *B. maritimus*, *B. planiculmis*, *B. laticarpus*, *B. yagara* (*B. glaucus* je u nás jen v jedné populaci, která v posledních letech nekvete) i za standardních podmínek v kultuře; počet semen v květenství možno stanovit jak přes počty semen v kláscích, tak jako celek váhově. Testování vlivu opylení vlastním pylem a pylem odlišného genotypu téhož druhu v experimentální kultuře, srovnání produkce semen. Metodika testování podle Charpentier et al. (2000): The effect of population size limitation on fecundity in mosaic populations of the clonal macrophyte *Scirpus maritimus* (Cyperaceae). – Amer. J. Bot. 87: 502–507.

Morfologická variabilita křídlatek

Vedoucí: Bohumil Mandák, BÚ AV ČR Průhonice (mandak@ibot.cas.cz)



Vzhledem k různé míře genetické diverzity jednotlivých taxonů rodu *Reynoutria* se dá celkem oprávněně předpokládat, že i morfologická variabilita jednotlivých taxonů se bude výrazně lišit. Jejich determinace pak díky interakci genotypu a prostředí může v některých případech činit potíže. Celá situace je navíc komplikována jednak výskytem odchylných ploidních hladin, a jednak přítomností zpětných kříženců, kteří jsou obtížně odlišitelní od svých rodičů. Přítomnost jakýchkoli produktů úspěšné hybridizace je pak fixována vegetativním rozmnožováním křídlatek a jejich snadnou regenerací z úlomků lodyh a oddenků, mnohdy zavlékaných na velké vzdálenosti.

Cíle:

1. Popis morfologické variability křídlatek v závislosti na ploidii a genotypu
2. Zjistit, zda na základě morfologických charakteristik jsme schopni rozlišovat různé ploidie.
3. Porovnání morfologické variability křídlatek z území kde evidentně dochází ke generativnímu rozmnožování a z území kde nic takového nebylo pozorováno.

Analýza hybridního potomstva křídlatek

Vedoucí: Bohumil Mandák, BÚ AV ČR Průhonice (mandak@ibot.cas.cz)



Vedle masového šíření jsou křídlatky zajímavé i způsobem rozmnožování. Jejich schopnost křížit se v podstatě “se vším co jim přijde pod ruku” je poměrně pozoruhodným jevem. Daleko od původního areálu celého rodu tak vznikají nové “druhy”, které mají různé ekologické vlastnosti. Zjištění do jaké míry se mezi sebou jednotlivé klony přítomné v přírodě mohou křížit a jak je jejich potomstvo životaschopné by mělo být hlavním cílem diplomové práce.

Přestože se na území ČR vyskytuje jen jeden samičí klon *R. japonica* var. *japonica* bez možnosti opylení vlastním pylem, rostliny křídlatky japonské ve volné přírodě velmi často bohatě plodí. Donorem pylových zrn může být buď *R. sachalinensis*, produktem hybridizace je pak kříženec *R. ×bohemica*, anebo *Fallopia aubertii*, v tomto případě vznikají mezirodoví kříženci popsaní jako *×Reyllopia conollyana*. Celá situace je dosud poměrně nejasná a není přesně známo, které kombinace genotypů se mohou úspěšně generativně rozmnožovat, zda jde o nově vznikající hybridy první generace, anebo zda se již vzniklé hybridní klony kříží mezi sebou.

Cíle:

1. Stanovit skladbu potomstva ze semen nasbíraných na jednotlivých taxonech rodu *Reynoutria* pomocí kombinace morfologie a ploidního stupně.
2. Ukázat jaké produkty hybridizace mohou procházet selekčním sítem, tj. ty co nacházíme v přírodě, a které z nich jsou likvidovány již ve stádiu semenáčku.

Taxonomicko-ekologická studie severoamerické *Rudbeckia laciniata* v ČR

Vedoucí: Petr Havlíček (pethavlicek@seznam.cz)



Druh *R. laciniata*, pěstovaný, zplaňující a invadující v ČR zahrnuje zcela jistě dva druhy v evropské flóře nerozlišované a uváděné pod jediným jménem.

Rostliny bez plných úborů ($2n=76$) jsou krátce, drsně, srstnatě chlupaté, invadují, např. podél Lužnice na Třeboňsku, podél Vltavy na Českokrumlovsku... Nyní se pěstují zvláště „plnoúborné“ ($2n=38$), lysé, modravě ožíněné typy, s odlišným členěním listů, které nezplaňují. Evidentně jde o dva různé druhy, jejichž taxonomie není v Evropě řešena.

Cíle práce:

- sledování a porovnání ekologických nároků těchto dvou taxonů
- jejich taxonomické (cytometrické, morfometrické...) porovnání
- nalezení jména pro druhý (neznámý) taxon, příp. jeho popis

Různé

Porovnání autekologie vybraných druhů rodu *Rubus* (ostružiník) ve vztahu k disturbanci porostů

Vedoucí: Petr Havlíček (pethavlicek@seznam.cz)



Rod *Rubus* patří k druhově nejbohatším rodům naší květeny. V ČR je poměrně podrobně zpracován. V nedávné době u nás probíhaly projekty zaměřené na studium rozšíření jednotlivých druhů a na fytoecologii ostružiníkových porostů.

Mnohé druhy (skupiny druhů) vykazují značné rozdíly ve svých ekologických nárocích. Většina ostružiníků vytváří dvouleté větve, které mohou být různě vysoké až plazivé, na koncích u větší části druhů zakořeňující. Některé druhy mají listy opadavé, jiné přezimující.

Na základě stanovištních nároků lze vymezit dvě hlavní ekologické skupiny druhů - druhy vázané na nelesní stanoviště (thamnofilní) a druhy mající užší vztah k lesnímu nebo lesem výrazně ovlivněnému prostředí (nemofilní ekoelement).

Ve výskytu ostružiníků se celkově ukazuje určitý synantropní charakter, nejvýraznější u zástupců skupiny *Corylifolii*.

Ostružiníky vytvářejí často velké polykormony, na některých místech nevídané (osázené paseky, sady, zahrady apod.) a často obtížně odstranitelné. Výzkum směřovaný na možnosti mechanického (chemického) odstraňování těchto keřů nebyl (není mi z dostupné literatury znám) na úrovni konkrétních taxonů prováděn; rovněž chybí detailnější studie růstové a populační ekologie jednotlivých druhů a jejich porovnání v tomto směru.

Předpokládaný záměr práce:

- sledování reakce porostů ostružiníků na disturbanci (mechanické odstraňování nadzemních částí, popřípadě použití herbicidů - realizovat experimentálně)
- sledování rychlosti růstu a vytváření nových polykormonů v různých stanovištních podmínkách a v závislosti na disturbanci
- usuzování na chování druhů v průběhu sukcesí na různých stanovištích (lemy, paseky, průseky, úhory, křoviny apod.)
- navrhnout možnosti využití zjištěných poznatků pro praxi (lesnictví; sadovnictví; management krajiny - např. v chráněných územích)

Porovnání možno provádět v rámci jedné systematické skupiny (např. ser. *Discolores*, sect. *Corylifolii*) nebo porovnat chování vybraných taxonů z různých systematických skupin nebo reprezentantů různých růstových forem (strategií). Lokality a porosty možno vytipovat dle vlastního zájmu studenta (mj. i v těsné blízkosti Prahy).

Anatomické znaky zástupců rodu *Potamogeton*: jaká je diverzita rdestů v tropech?

Vedoucí: Zdeněk Kaplan, BÚ AV ČR Průhonice (kaplan@ibot.cas.cz)



Morfologii dnešních zástupců rodu *Potamogeton* ovlivnily dva taxonomicky významné evoluční procesy: postupné zjednodušování morfologické stavby a paralelní vývoj. Tyto jevy mají za důsledek, že i fylogeneticky bezprostředně nepříbuzné taxony jsou si mnohdy velmi podobné a makromorfologicky často jen stěží odlišitelné. Některé druhy širokolistých rdestů sdílejí jak celkový habitus, tak i

množství detailních morfologických znaků. Anatomická stavba lodyhy však skýtá množství konzervativních znaků, které umožňují odlišení některých taxonů, a jsou zvláště užitečné při determinaci nekompletních herbářových dokladů.

Cíle:

- přesné popsání variability v anatomické stavbě lodyhy u taxonomicky a morfologicky dobře definovaných druhů ve vybraném území
- zjištění spektra anatomicky definovaných typů ve vybrané taxonomicky nedostatečně prozkoumané oblasti (Austrálie, Tichomořské ostrovy, jižní Afrika, Jižní Amerika)
- určení vztahu mezi anatomicky definovanými typy a morfologicky rozeznávanými taxony
- zjištění alespoň hrubého popisu rozšíření
- identifikace rozeznávaných taxonů s dříve publikovanými jmény

Metodika:

- studium znaků na barvených anatomických preparátech lodyhy pod mikroskopem (metoda je celkem jednoduchá, velmi dobře zavedená a byla úspěšně využita při řešení mnohých taxonomických problémů, viz např. Preslia 76: 141-161, 2004)
- porovnávání zjištěných kombinací anatomických znaků s morfologií rostlin

Vliv herbivorie u *Atriplex sagittata*

Vedoucí: Bohumil Mandák, BÚ AVČR Průhonice (mandak@ibot.cas.cz)



A. sagittata je heterokarpní druh vytvářející tři typy různě dormantních semen. Zatímco jeden typ (označovaný jako A) je hluboce dormantní s vysokou životaschopností, vytrvávající v půdní bance po dlouhou dobu, další typ (označovaný jako C) je nedormantní a krátkoživotný. Třetí typ B tvoří jakési ekologické kontinuum mezi dvěma hraničními typy (A a C). Rostliny *A. sagittata* jsou každý podzim napadány herbivorem, který s pozoruhodnou selektivitou odstraňuje z rostlin pouze plody typu C, tj. ty, které jsou produkovány v největším množství, jsou nedormantní a za normálních podmínek zajišťují regeneraci populací v následujícím roku. Plodenství jsou na podzim zabalena do smotků z jemné pavučiny a v podstatě všechna semena typu C jsou odstraněna. Ve smotcích tak do jara vytrvávají pouze dormantní typy A a B.

Cíle:

1. Determinovat zmíněného herbivora! Před započítím diplomové práce bude nutné natchytat zmíněná zvířátka, dochovat je do stadia imaga a určit. Pokud se nepodaří tohle, nemá cenu v diplomové práci pokračovat!
2. Jak velké množství semen je herbivorií odstraněno z jednotlivých rostlin? Jsou skutečně selektivně odstraňovány pouze nedormantní plody typu C?
3. Jak moc se liší vlastnosti plodů, které přetrvávají v půdě od těch, které jsou po celou zimu uvězněny na rostlinách ve smotcích?
4. Jaký význam má herbivor pro populační dynamiku *A. sagittata*?

Půdní banka semen

Vedoucí: Bohumil Mandák, BÚ AVČR Průhonice (mandak@ibot.cas.cz)



Zatímco máme k dispozici poměrně značné množství informací o distribuci genetické variability v rámci populací nejrůznějších rostlinných druhů, existuje jen velmi málo studií zabývajících se distribucí genetické rozmanitosti v populacích semen uložených v půdní bance. Dosavadní

výsledky ukazují, že dormance semen vede k vytvoření trvalé půdní banky semen fungující jako (a) jakási "genetická paměť" populace, (b) způsob jak redukovat pravděpodobnost extinkce v letech, kdy dojde ke zničení populací, (c) zásobárna genotypů z různých let s tím, že se v semenné bance potkávají semena různě stará, vzniklá za odlišných podmínek a (d) "evoluční pufr", tj. vyklíčení genotypu uloženého v půdě po poměrně dlouhou dobu, může změnit genetickou strukturu populace a částečně působit jako jakýsi "evoluční pufr". Přerušení dormance a následné klíčení pak musí být pod velmi silným tlakem prostředí, které funguje jako síto, jenž v daném roce umožní vyklíčit jen části genotypů obsažených v půdě. Ty ostatní přeléhají do dalšího roku a "čekají" až nastanou vhodné podmínky. Pokud tomu tak je, pak můžeme předpokládat, že genetická struktura populací "zelených" (nadzemních) rostlin v daném roce nebude odpovídat struktuře populací semen v půdní bance. Nevíme však do jaké míry je tento fenomén výrazný a jak je vázaný na druhy s různým rozmnožovacím systémem, šířitelností a typem půdní banky.

Cíle práce:

1. Stanovení genetické diverzity vybraných druhů
2. Jak se liší distribuce genetické variability mezi populacemi nadzemních rostlin a semen uložených v půdní bance u druhů s různým rozmnožovacím systémem, šířitelností a typem půdní banky?

Prediktivní modelování výskytu vybraných cévnatých rostlin v NP České Švýcarsko

Vedoucí: Jan Wild, BÚ AVČR Průhonice (wild@ibot.cas.cz)



V Národním parku České Švýcarsko se vyskytují některé druhy, které mají v rámci území své zcela specifické stanovištní nároky a staly se zde předmětem ochrany. V jiných územích ČR se tyto druhy vyskytují ve výše položených oblastech, zde však rostou v nadmořských výškách kolem 200- 250 m.n.m. Na základě přímých terénních šetření (mapování výskytu druhu, instalace mikroklimatických stanic) a parametrů odvozených z přesného digitálního modelu terénu (DEM - LIDAR) budou stanoveny stanovištní nároky druhů.

S využitím digitálního modelu terénu (DEM) pak budou predikována vhodná stanoviště pro výskyt těchto druhů na vybraném území NP.

Cílem práce bude vyhodnotit stanovištní nároky dvou druhů (*Huperzia selago* a *Lycopodium annotinum*) a na základě těchto prediktivně modelovat jejich vhodná stanoviště na dalších lokalitách v území. Parametry prostředí budou jednak získány z mikroklimatických stanic umístěných na jednotlivých lokalitách (vlhkost půdy a teplota půdy a vzduchu), jednak budou odečteny z digitálního výškového modelu terénu (DEM: pozice na gradientu svahů, potenciální přímá sluneční radiace, typ údolí, ve kterém se druh vyskytuje, tj. jeho délka, šířka, hloubka, orientace, apod.).

Témata vhodná pro učitelské kombinace biologie a studenty OŽP

Rozšíření vybraných druhů na bílých stráních v Českém středohoří a jeho příčiny

Vedoucí: Zuzana Münzbergová (zuzmun@natur.cuni.cz)



Pochopení faktorů určujících rozšíření jednotlivých druhů v krajině umožňuje porozumět faktorům strukturujícím celá rostlinná společenstva. Zatímco o významu abiotických faktorů pro rozšíření druhů je toho známo poměrně hodně, již daleko méně se ví o významu faktorů historických. Ty mohou zahrnovat jak určitou paměť krajiny v podobě historického využití lokalit, tak roli náhody – ten či onen druh na lokalitu dorazil dříve než jiný. Cílem práce by bylo využít stávající informace o rozšíření vybraných druhů v konkrétním území (Litoměřicko), doplnit je o vlastní podrobnější data o velikosti populací těchto druhů a pokusit se identifikovat faktory toto rozšíření určující. To by bylo provedeno na základě znalosti současné i historické struktury krajiny (k dispozici z předchozích prací) a doplněno o vlastní sledování dalších vybraných faktorů. Dále by se sledování doplnila o experimentální výsev druhů na lokalitu případně pokus v zahradě. Zajímavé studijní objekty jsou např. dvojice druhů *Inula salicina* a *I. hirta*, druhy *Bromus erectus* a *Brachypodium pinnatum*, nebo druh *Anthericum ramosum*.

Rozšíření vybraných druhů na izolovaných stanovištích

Vedoucí: Zuzana Münzbergová (zuzmun@natur.cuni.cz)



Studium rozšíření druhů a celkové druhové diverzity na fragmentovaných stanovištích umožní stanovit očekávané důsledky dalšího zmenšování stanovišť pro přežívání druhů. Cílem práce by bylo prostudovat rozšíření jednotlivých druhů v systému fragmentovaných dobře definovaných stanovišť (např. skalní stepi v Českém středohoří, skály, ale i vodní nádrže) ve vybraném území a poté se pokusit vysvětlit toto rozšíření na základě velikosti a izolovanosti oněch stanovišť a vlastností jednotlivých druhů (k dispozici v řadě existujících databází). Výsledky práce by pak umožnily definovat skupiny druhů a jejich vlastností, které jsou citlivé ke zmenšování stanovišť a takových, které k těmto změnám náchylné nejsou a jsou schopny osidlovat i ty nejmenší nejbližší lokality.

Floristické studie vybraných území ČR

Bližší informace: Petr Havlíček (pethavlicek@seznam.cz), Lubomír Hrouda (hrouda@natur.cuni.cz)



Komplexní floristické zpracování zájmového území spolu s informacemi o historii botanického výzkumu, klimatu, geologii, pedologii, hydrologii, komentáře k vybraným významným taxonům, příp. nastínění taxonomických problémů v obtížných skupinách. Předpokládá se hojné dokladování taxonů formou herbářových položek.

Území lze vybrat po dohodě s vedoucím DP, mělo by zahrnovat oblasti Vám dobře a dlouhodobě dostupné (okolí bydliště, území dosažitelná z Prahy, ...).

Fytocenologie lesních společenstev a mykoflóra na vybraných nalezištích významnějších makromycetů v okolí Prahy

Bližší informace: Petr Havlíček (pethavlicek@seznam.cz), Jan Borovička (bore.bor@gmail.com)



Cílem práce je provést podrobný fytocenologický průzkum společenstev se známým výskytem vybraných vzácných druhů makromycetů v blízkosti Prahy a nalézt nové lokality jejich výskytu, sledovat vazby vybraných mykorrhizních druhů hub na úzce vymezené druhy cévnatých rostlin, příp. navrhnout způsob ochrany ohrožených druhů.

Budou opakovaně navštěvovány lokality známé výskytem *Amanita caesarea*, *Boletus regius*, *B. satanas* a *B. fechtneri* převážně na vápencovém podkladu v Českém krasu u Prahy, kde budou zaznamenávány fytocenologické snímky, seznamy vyskytujících se dalších „plodnicových, kloboukatých“ hub a cévnatých rostlin, včetně druhů kritických (např. *Quercus*), zaznamenávány budou počty plodnic fruktifikujících vzácných druhů hub. Snahou bude společenstva fytocenologicky klasifikovat. Průzkum bude probíhat přímo v terénu, pro určení (mikroskopicky, pomocí chemických činidel atp.) některých nalezených problematických taxonů hub bude prováděn odběr vzorků nebo herbarizace pro následující laboratorní studium a pro revizi determinace pořizována jejich fotodokumentace, bude prováděna také herbarizace cévnatých rostlin.

Příkladem lokality navržené pro studium může být např. naleziště muchomůrky císařské u Vonoklas u Černošic s jilmovou doubravou (*Quercus-Ulmetum*) a mapovanými jednotkami subxerothermních doubrav (*Potentillo-Quercetum*), dubohabrových hájů (*Carpinion betuli*), luhů a olšin (*Alno-Padion*).

Aktualizace informací o současném rozšíření vybraného druhu a posouzení míry a příčin jeho ohrožení

Bližší informace: Lubomír Hrouda (hrouda@natur.cuni.cz)



Cílem práce bude získat co nejkomplexnější a nejnovější údaje o rozšíření a o současném vědeckém poznání vybraných ohrožených druhů. Tyto údaje pak budou použity pro koncipování jejich účinné ochrany. Nabízené druhy jsou vybrány ze seznamu druhů navržených pro zpracování záchranných programů a zpracované práce budou využity pro posouzení nutnosti zpracování záchranného programu a zmapují současný stav poznání o druhu, podrobné mapování lokalit bude zaneseno do databází AOPK.

Diplomant shromáždí veškeré doposud známé údaje o lokalitách a stavu jejich populací s využitím herbářových dokladů, literárních údajů i nepublikovaných zpráv. Dále shromáždí údaje o dosavadním vědeckém poznání o ekologických nárocích a biologii druhu.

Další fází bude revize současných i historických lokalit a ověření stavu populací. V terénu budou zaznamenávány údaje o populacích (velikost a vitalita), stupeň zachování stanoviště, vlivy působící na stanovišti (negativní i pozitivní), současný management lokality. Lokality, příp. i výskyt druhů na nich, budou zanášeny do mapových podkladů a na jejichž základě budou vytvořeny vrstvy v GIS. Závěrem práce by diplomant na základě porovnání historického a současného rozšíření druhů a stavu populací provedl zhodnocení míry a příčin ohrožení druhu, a to jak ve vztahu ke konkrétním lokalitám, tak i k jejich celkovému rozšíření v ČR, v Evropě i po celém světě. Na základě tohoto zhodnocení by mohl podat návrhy na opatření směřující ke snížení stupně ohrožení druhu a zlepšení stavu lokalit.

Seznam druhů pro DP:

Taxon	český název	region	biotop
<i>Amygdalus nana</i>	mandloň nízká	jižní Morava	suché trávníky, křoviny
<i>Androsace septentrionalis</i>	pochybek severní	Severní Čechy, jižní Morava	písčiny, stepi
<i>Arabis nemorensis?</i>	huseník hajní	Stř. a v. Čechy, j. a stř. Morava	Slatiny, lužní lesy
<i>Carex chordorrhiza</i>	ostřice šlahounovitá	Šumava, Třeboňsko, Vysočina, s. Čechy	rašeliniště
<i>Helichrysum arenarium ???</i>	smil písečný	Čechy, Morava	písčiny, pastviny – na druhu bude DP na JČU (u Štecha) – domluvit se
<i>Eriophorum gracile</i>	suchopýr štíhlý	j. a z. Čechy, Vysočina,	
<i>Lathyrus palustris</i>	hrachor bahenní	Polabí, sz. Čechy, j. a stř. Morava	vlhké až bažinné louky, lemy nívních křovin
<i>Orchis palustris</i>	vstavač bahenní	stř. Čechy, již. Morava	vlhké trávníky
<i>Sagina nodosa</i>	úrazník uzlovitý	Čechy, Morava	vlhké trávníky
<i>Salix myrtilloides</i>	vrba borůvkovitá	z. Čechy, Železné hory	vlhké trávníky
<i>Scheuchzeria palustris</i>	šejdračka bahenní	z., v. a s. pohraniční pohoří, Železné hory, Třeboňsko	rašeliniště
<i>Schoenus</i>	šášina – oba druhy	Střední Čechy	slatiny
<i>Spergula pentandra</i>	kolenec pěťmužný	j. Morava	písčiny
<i>Veratrum nigrum</i>	kýchavice černá	Bílé Karpaty, Podyjí, stř. Čechy	lesy, vlhké trávníky
<i>Viola elatior</i>	violka vyvýšená	již. Morava, vých. a stř. Čechy	slatiniště
<i>Campanula rotundifolia</i> subsp. <i>sudetica</i>	zvonek okrouhlostý sudetský	Krkonoše, Hrubý Jeseník	skály a skalnaté svahy, zarostlé sutě
<i>Pinguicula vulgaris</i> subsp. <i>bohemica</i>	tučnice obecná česká	Českolipsko	slatiny
<i>Trapa natans</i>	kotvice plovoucí		vody
<i>Botrychium matricariifolium</i>	vraťička heřmánkolistá	více lok.: Pošumaví (Půbal?, Pavlíčko), Dokesko (vyhynulá), Křivoklátsko, a další	suché trávníky, světlé lesy
<i>Centaurium littorale</i> ssp. <i>compresum</i>	zeměžluč přímořská	více lok. (10) – Mělník, Votice, Pardubice, Velký Osek, stř. Polabí	slaniska, slatiniště
<i>Cyperus flavescens</i>	šáchor žlutavý	3 lokality (Sádky Šalamoun, Hluboká, Pístiny u Stráže u Nežárky, (dříve Polabí, Svitavy, Písek, Lanškoun, Morava roztr.	obnažená dna rybníků a pískoven
<i>Cyperus michelianus</i>	šáchor Michelův	J. Morava	obnažená dna a břehy rybníků a pískoven
<i>Elatine alsinastrum</i>	úpor kuřičkolistý	J. Čechy (2 lok.)	obnažená bahňitá dna rybníků
<i>Juncus tenageia</i>	sítina rybníční	jen Třeboňsko (8-10 lok.)	zamokřená písčítá místa a obnažená dna a břehy rybníků
<i>Lindernia procumbens</i>	puštička rozprostřená	vzácně v úvalech velkých řek a v rybníčních pánvích, na Třeboňsku (25 lokalit)	obnažované břehy tekoucích a stojatých vod
<i>Littorella uniflora</i>	pobřežnice jednokvětá	J. Čechy (12 lok.), ČM vrchovina (1-2 lok. nepotvrzeno 20 let)	obnažená rybníční dna, bahňité a písčité břehy stojatých vod
<i>Radiola linoidis</i>	stozrník lnovitý	J. Čechy (3 lok.), Pardubicko, Českolipsko, Ostravsko	vlhká písčítá pole a obnažená dna rybníků
<i>Utricularia bremii</i>	bublinatka vícekvětá	Zliv u Českých Budějovic	rašelinné okraje rybníků a tůň
<i>Utricularia intermedia</i>	b. prostřední	Třeboňsko (7 lok. Adamec)	rašelinné okraje rybníků a tůň

<i>Utricularia vulgaris</i>	b. obecná	Polabí, moravské úvaly	mrtvá říční ramena, tůňe, odvodňovací kanály, okraje rybníků
<i>Utricularia ochroleuca</i>	b. bledožlutá	Třeboňská pánev (10 lok. - Adamec), Chebská pánev, Šumava u Dobré (2 tůňe)	rašelinné okraje rybníků a tůňe

Témata související s datovou základnou pro Natura 2000

Bližší informace: Lubomír Hrouda (hrouda@natur.cuni.cz)

Slaniska – systematická revize všech výskytů biotopu



Slaniska jsou jednou z mapovatelsky problematických jednotek. Je to dáno jejich velkou vzácností a značnou nevyhraněností. V mapovatelské praxi je tedy žádoucí zaznamenávat všechny segmenty, které se slaniskům podobají (lépe zaznamenat a posléze přehodnotit, než úplně pominout). Cílem by bylo zhodnocení všech segmentů označených jako slaniska (T7). Na jednotlivých lokalitách by byla zaznamenávána flóra (např. formou škrtačích seznamů obsahujících nejdůležitější – tj. diagnostické aj. druhy) a vegetace formou standardizovaného sběru fytocenologických snímků.