

Abstrakt

Amomum Roxb. s.l. (černý kardamom) je složitý rod v čeledi zázvorovitých (Zingiberaceae) v podčeledi Alpinioideae, který podle některých vymezení zahrnuje i skupiny druhů považované za samostatné rody, jako je např. rod *Elettariopsis* Baker. Dosavadní fylogenetické výzkumy nedokázaly objasnit ani pozici rodu *Amomum* v podčeledi Alpinioideae, ani vztah mezi rodem *Amomum* a ostatními rody, jako je *Elettariopsis*. V této práci bylo *Amomum* podrobena detailní morfologické analýze s použitím co největšího počtu vzorků, spolu s fylogenetickou analýzou. *Amomum* bylo nově vymezeno, bylo ustanoveno *Amomum* s.s. a tři nové rody, tři rody byly obnoveny a *Elettariopsis* byl včleněn do rodu *Amomum*. Mezitím bylo popsáno několik nových druhů a dva byly epitypifikovány.

S použitím sekvenování nové generace (next-generation sequencing; Hyb-Seq) byla získána dobře podpořená fylogeneze založená na jaderných genech, která prokázala v rodu existenci čtyř cladů (A, B, C, D); clade D, původní rod *Elettariopsis*, se dále dělí na tři subclady (D1 – D3). Fylogeneze založená na chloroplastové DNA tuto strukturu podpořila, ale doplňující fylogeneze založené na ribosomálním cistronu (rDNA) se od té založené na nukleárních genech odlišovaly; to poukazuje na potenciální nevhodnost často používaného markeru ITS při rekonstrukci hlubších fylogenetických nodů.

Velikost genomu je intenzivně zkoumaná vlastnost rostlin, která má zásadní vliv na jejich růst, adaptaci a speciaci. Jako taková může být rozhodujícím faktorem při diverzifikaci skupin a byla již úspěšně použita i v systematice rostlin, protože může nést fylogenetický signál. Velikost genomu tropických rostlin je méně prozkoumána, než v rostlinách mírného pásma. *Amomum*, jakožto tropický rod rozšířený napříč většinou indomalajské oblasti a rostoucí v různých typech prostředí, se ukázalo být dobrým modelem pro zkoumání velikosti genomu v tropických podmínkách. Bylo zjištěno, že se evoluce absolutní (2C) velikosti genomu v rodu *Amomum* shoduje s jeho fylogenezí; absolutní velikost genomu zde postupně stoupá od nejraněji divergujícího cladu A po nejvíce odvozený clade D (subclade D3) a její rozpětí je 4,5násobné. Zajímavostí je, že postupný růst velikosti genomu odpovídá biogeografickému vývoji rodu, který se rozšířil z původní oblasti jižní Číny a severní Indočíny (clady A, B a C) jihovýchodním směrem přes šíji Kra do Sundalandu (subclady D1 – D2) a poté zpět na sever (subclade D3). Zjištění počtu chromozomů vybraných jedinců vedlo k odhalení dvou tetraploidních druhů s počtem chromozomů $2n = 96$. Tyto druhy byly prvními polyploidy objevenými v rodu *Amomum*. Druh *A. cinnamomeum* (subclade D3) měl největší 2C velikost genomu v rodu (15.66 pg), která je zároveň největší doposud zjištěnou velikostí genomu v řádu Zingiberales. Zbylé diploidní vzorky měly $2n = 48$ chromozomů.

V rámci diploidů velikost genomu v rodu *Amomum* vykazovala 2,7násobné rozpětí, což bylo podnětem pro analýzu repeatomu v rodu (tj. kvantifikaci hlavních skupin repetitivních sekvencí v genomu). Vybraná podskupina druhů byla analyzována s použitím pipeline RepeatExplorer za účelem kvantifikace a porovnání jejich repetitivních sekvencí (repetic). Velikost genomu byla signifikantně korelována s obsahem repetic (repeatomu), který také nesl fylogenetický signál. Linie repetic ze superfamilly *Ty1-Copia* (zejména SIRE) silně přispěly ke zvýšení velikosti genomu v rodu *Amomum* a zároveň převládaly v jeho repeatomu. V clade D bylo zjištěno zmnožení většiny linií repetic. Další zkoumání odhalilo v *Amomum* dvě starobylé hybridizační události: hybridní původ cladu D, který mohl být příčinou zmnožení repetic v tomto cladu, a další hybridogenní skupiny druhů v tomto cladu. Fylogenetická síť založená na repeticích se shodovala s fylogenezí založenou na jaderných genech. Proporce repeatomu v rodu *Amomum* dosahovaly až 88 % a rod se tak umístil mezi jednoděložné rostliny s nejvyšší proporcí repetic.

Klíčová slova: *Amomum*, Zingiberaceae, velikost genomu, evoluce genomu, klasiikace, morfologie, repetitivní DNA, repeatom, fylogeneze, sekvenování nové generace, starobylá hybridizace, chromozomy