

Přirozená mezidruhová hybridizace

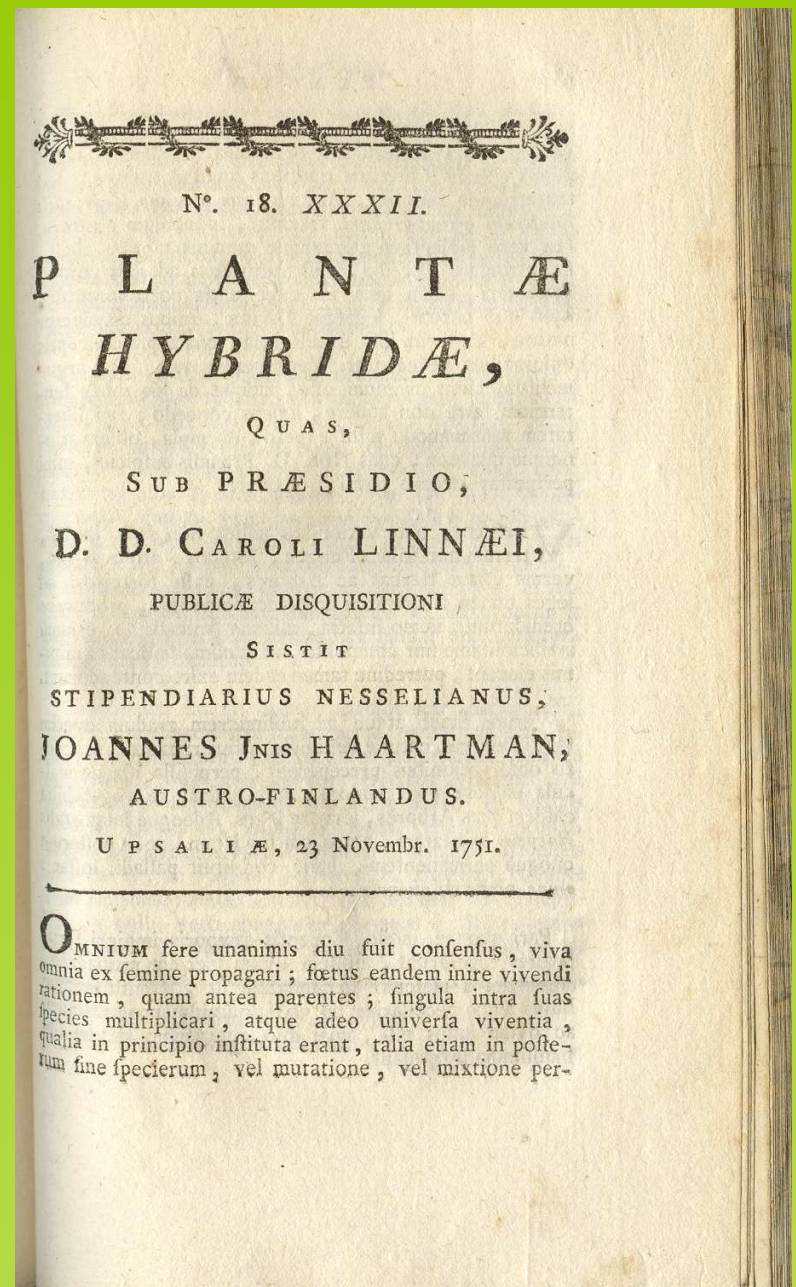
Hybridizace nastává

!!!! mezi blízce příbuznými druhy

!!! mezi druhy jednoho rodu

! mezi blízce příbuznými rody

mezi blízce příbuznými čeleděmi

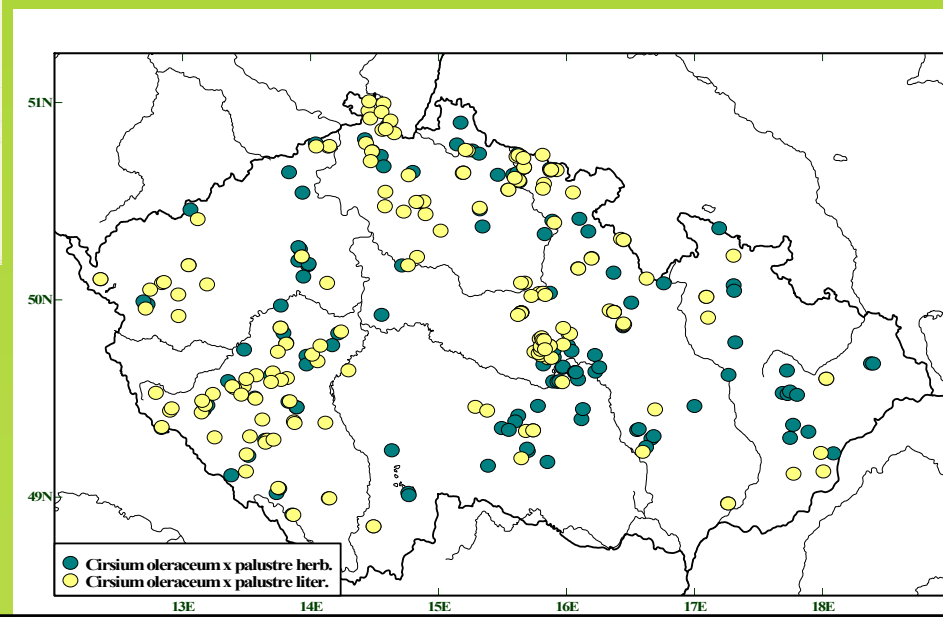


Cirsium oleraceum × *C. palustre* = *C.* × *hybridum*

Cirsium oleraceum



Cirsium palustre

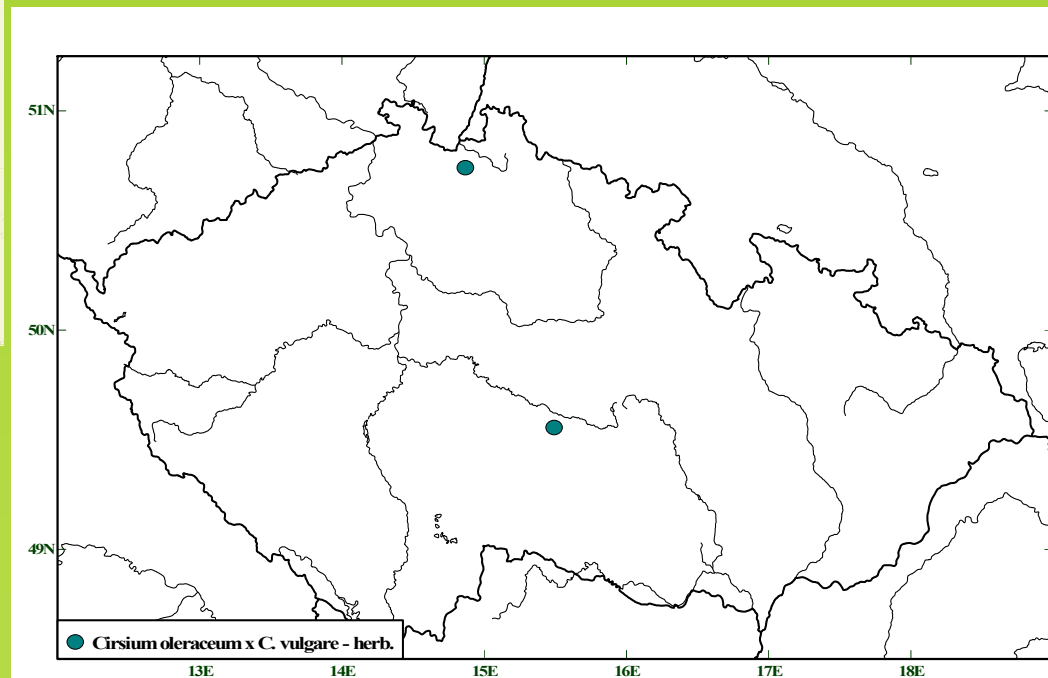
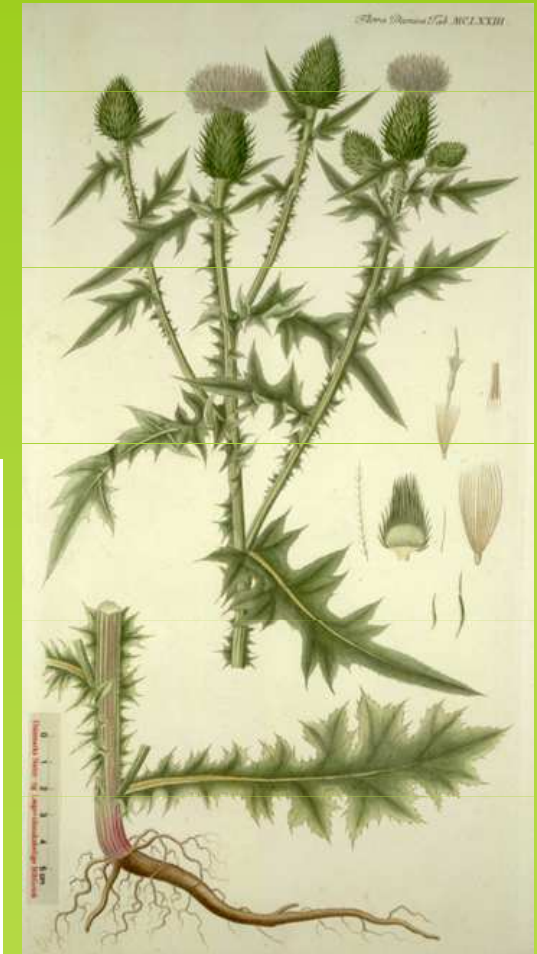


Cirsium oleraceum × *C. vulgare* = *C. × bipontinum*

Cirsium oleraceum



Cirsium vulgare



Cirsium acaule



Cirsium heterophyllum

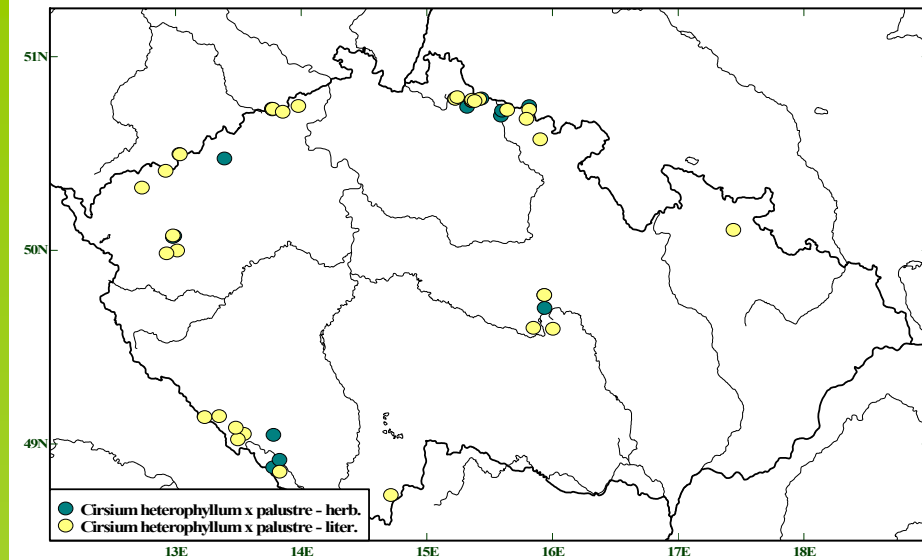


×



Cirsium acaule × *C. heterophyllum* = *C.* ×
alpestre

Cirsium palustre

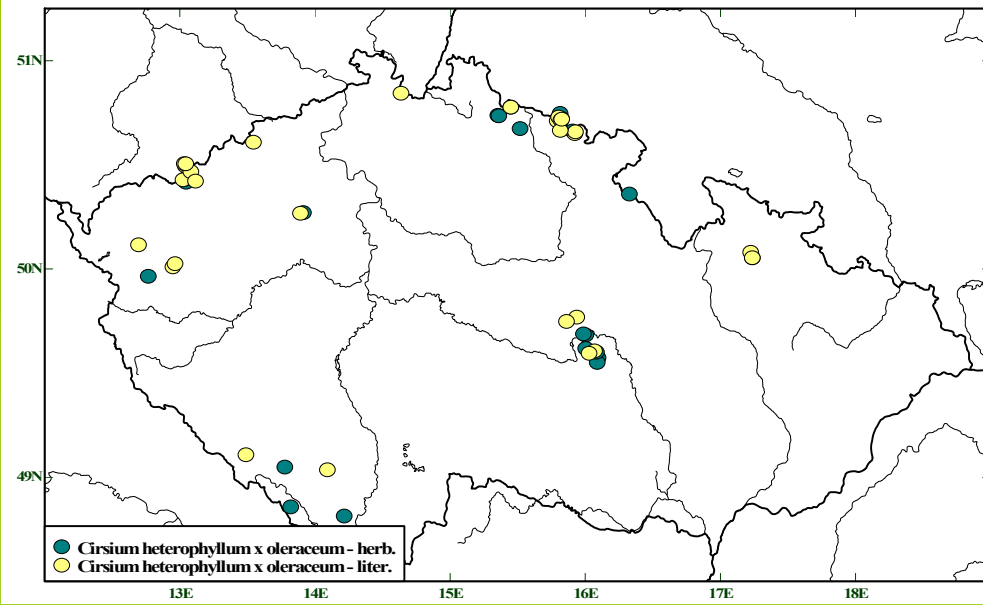


Cirsium heterophyllum



Cirsium heterophyllum × *C. palustre* = *C. × wankelii*

Cirsium oleraceum



Cirsium heterophyllum



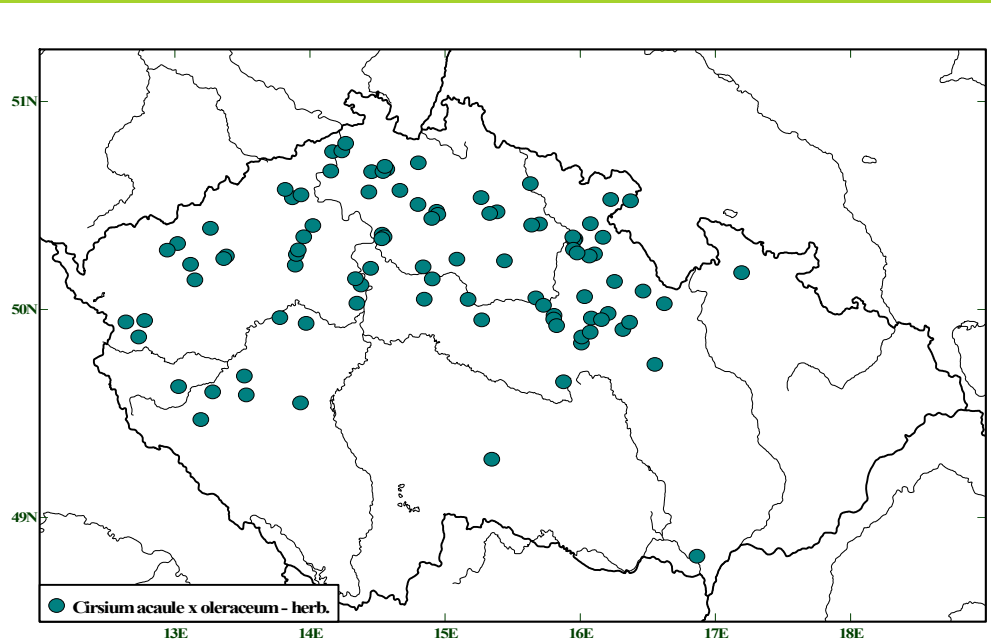
Cirsium heterophyllum x *C. oleraceum* = *C.* x

Cirsium acaule



×

Cirsium oleraceum



Cirsium acaule × *C. oleraceum* = *C. × rigens*

Díky klonální reprodukci pomocí větviček se oddenků vytvářejí hybridi po určité době na lokalitě víceméně uzavřenou skupinku

Cirsium × *rigens*
= *C. acaule* × *C. oleraceum*



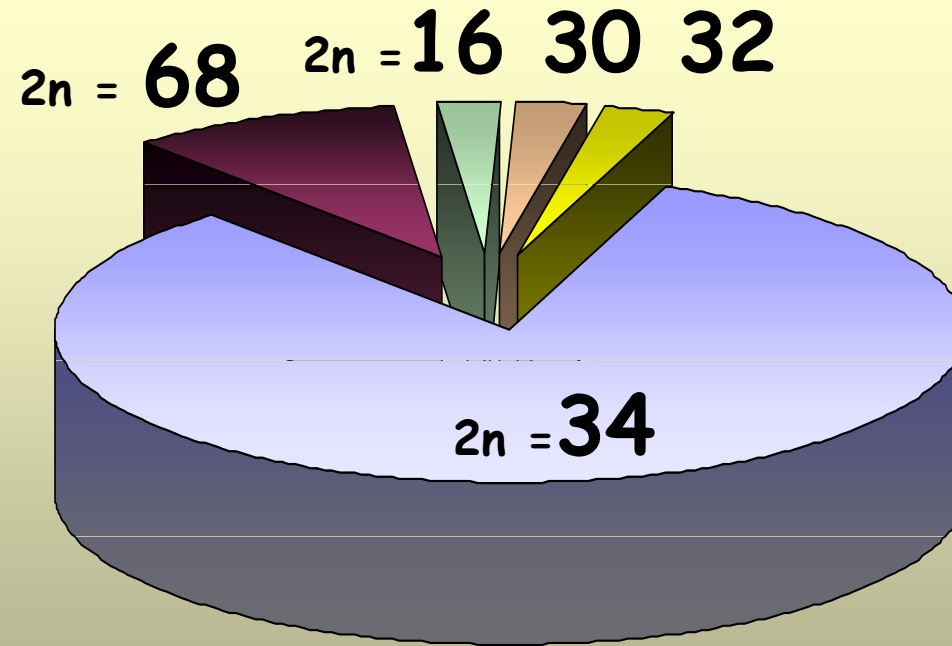
V literatuře
uvádění hybridi
středoevropských
pcháčů:

13 druhů vytváří
v přírodě celkem
53 hybridních
kombinací,

což je téměř 68
% ze všech 78
možných
kombinací které
připadají
teoreticky v
úvahu

<i>vulgare</i>												
<i>acaule</i>												
<i>oleraceum</i>												
<i>rivulare</i>												
<i>pannonicum</i>												
<i>canum</i>												
<i>heterophyllum</i>												
<i>palustre</i>												
<i>brachycephalum</i>												
<i>arvense</i>												
<i>erisithales</i>												
<i>spinnosissimum</i>												
	<i>eriophorum</i>	<i>vulgare</i>	<i>acaule</i>	<i>oleraceum</i>	<i>rivulare</i>	<i>pannonicum</i>	<i>canum</i>	<i>heterophyllum</i>	<i>palustre</i>	<i>brachycephalum</i>	<i>arvense</i>	<i>erisithales</i>

Chromosome numbers



European *Cirsium* species

The most of species have the same chromosome number $2n = 34$

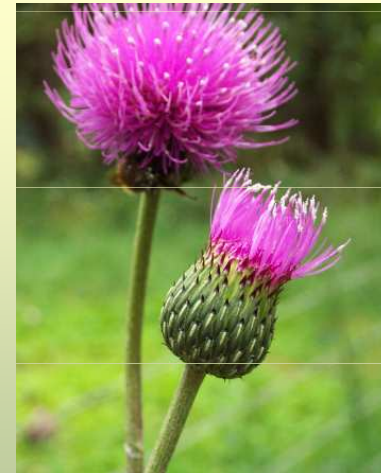
Hybridization is homoploid

Cirsium oleraceum



$2n = 34$

Cirsium canum



$2n = 34$

C. x tataricum



$2n = 34$

No allopolyploids have been observed among studied hybrids

Trojnásobní hybridy:

1. *Salix*

2. *Cirsium*

C. acaule × *C. canum* × *C. oleraceum* = *C. x trigeneum*
Bornm.

C. canum × *C. oleraceum* × *C. palustre* = *C. x wettsteinii*
Petrauk

C. canum × *C. oleraceum* × *C. rivulare* = *C. x podperae*
Fleischer

3. *Viola*

V. collina × *V. hirta* × *V. odorata* = *V. poelliana*

4. *Crataegus*

Mezirodoví kříženci

Festuca pratensis



Lolium perenne



x Festulolium loliaceum (= Festuca pratensis x Lolium perenne)

Festuca x Vulpia

× *Triticosecale rimpaii* Wittm .
[*Triticum aestivum* × *Secale cereale*] - triticales



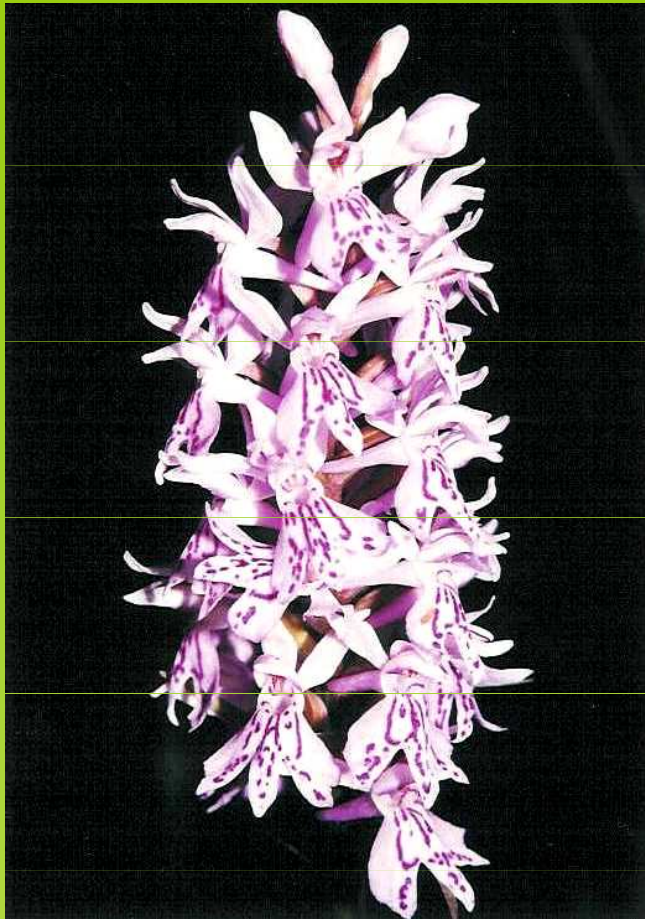
Triticum aestivum



Secale cereale

kulturní hybrid

Dactylorhiza fuchsii



Gymnadenia conopsea



× *Dactylodenia st-quintinii*

(*Dactylorhiza fuchsii* subsp. *fuchsii* × *Gymnadenia conopsea* subsp. *conopsea*)

Coeloglossum viride



Dactylorhiza fuchsii



x Dactyloglossum mixtum

(= *Coeloglossum viride* x *Dactylorhiza fuchsii*)

Anacamptis x *Gymnadenia* = x *Gymnanacamptis*

Dactylorhiza x *Orchis* = x *Orchidactyla*

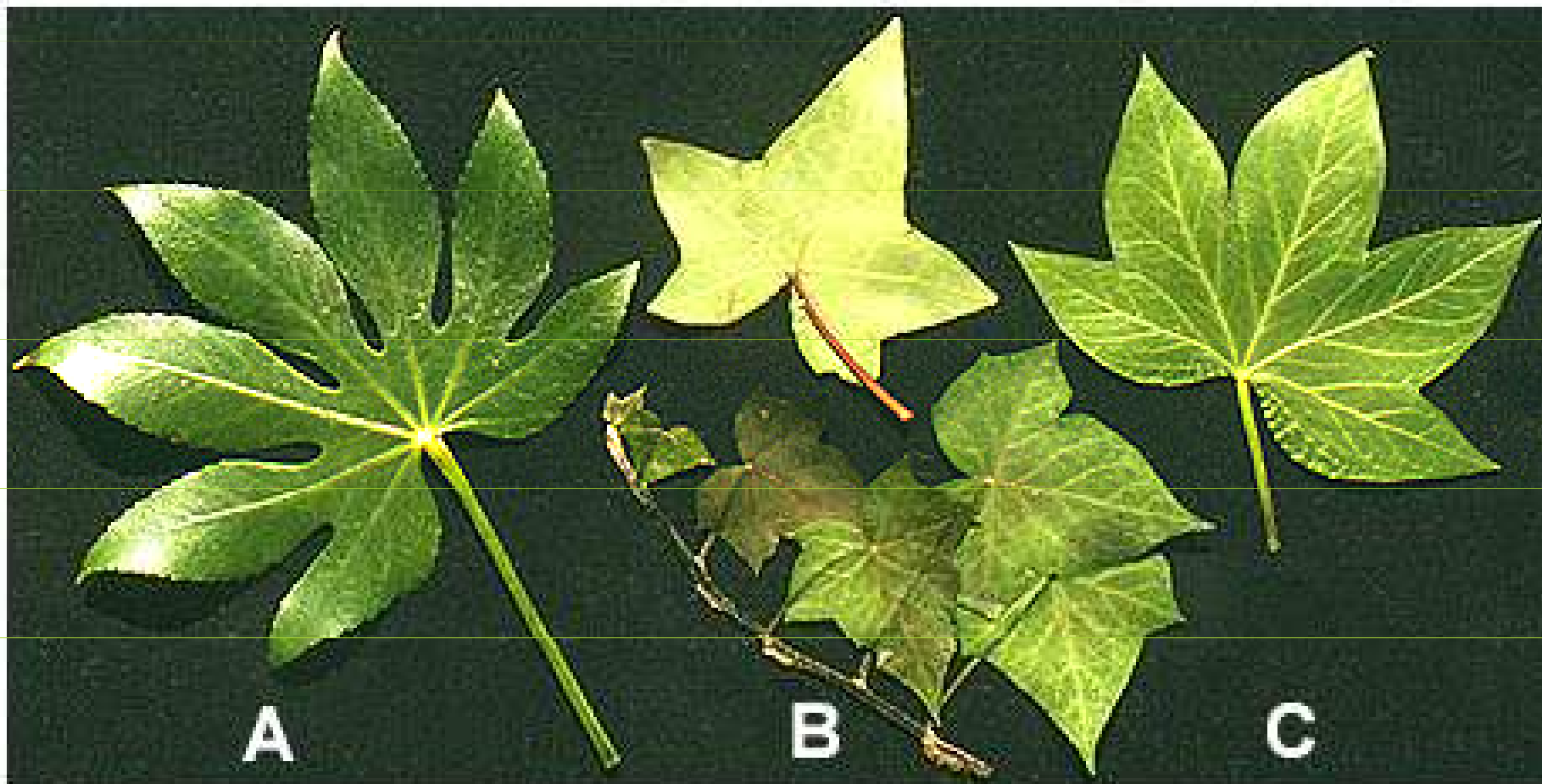
Dactylorhiza x *Pseudorchis* = x *Pseudorhiza*

Gymnadenia x *Pseudorchis* = x *Pseudadenia*

x Sorbopyrus auricularis = *Pyrus communis* x *Sorbus aria*



mezirodový hybrid vytvořený zahradníky



Fatsia japonica
(Japanese Aralia)

Hedera helix
(English Ivy)

Fatshedera lizei
(Bigeneric Hybrid)

© W.P. Armstrong 2002

mezirodový hybrid vytvořený zahradníky

Aster ptarmicoides



Solidago canadensis



x *Solidaster luteus* (= *Aster ptarmicoides*
x ? *Solidago canadensis*)

Conyza x *Erigeron*,
Anthemis x *Chrysanthemum*,
Anthemis x *Matricaria*,
Centaurea x *Serratula*

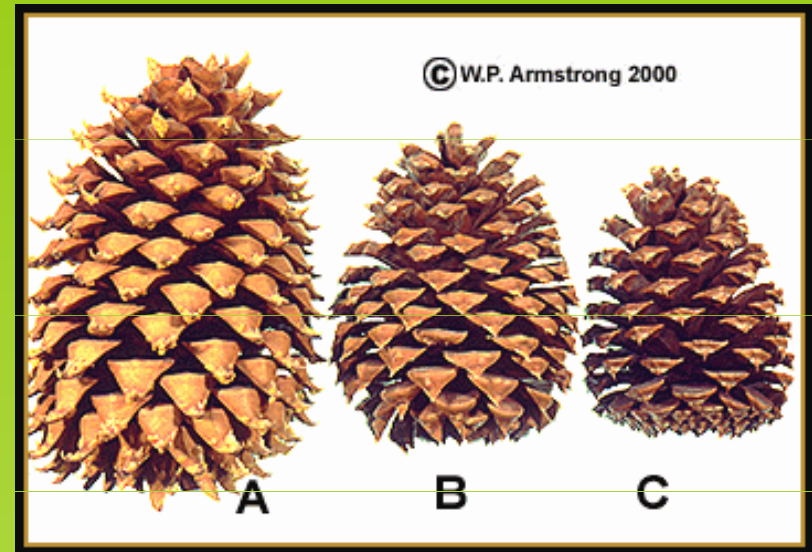
Nejčastěji nademe mezirodové křížence v čeledích

1. Poaceae
2. Asteraceae (Anthemis, Chrysanthemum, Matricaria)
3. Orchidaceae (mnoho)
4. Caryophyllaceae (Lychnis, Melandrium, Silene)
5. Rosaceae (Fragaria x Potentilla, Sorbus x Aronia, Crataegus)
6. Crassulaceae a
7. Cactaceae,

jinde vzácně

U všech skupin vyšších rostlin je mezidruhová hybridizace rozšířeným fenoménem;

Natural interspecific hybridization in pines (*Pinus*): A. Coulter Pine (*Pinus coulteri*), with large seed cones composed of thick, hooklike scales; B. Coulter-Jeffrey Hybrid, with intermediate-sized cones composed of thick scales without conspicuous hooks; C. Jeffrey Pine (*P. jeffreyi*), with slightly smaller cones bearing scales with slender, downwardly-pointed prickles. In general growth aspect the Coulter-Jeffrey hybrid (B) resembles a Jeffrey pine. The bark even has the faint vanilla odor typical of Jeffrey pines.



*Dryopteris
cristata*



*Dryopteris x
boottii*



*Dryopteris
intermedia*



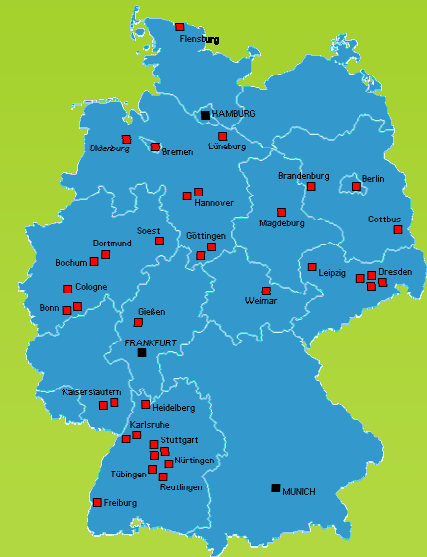
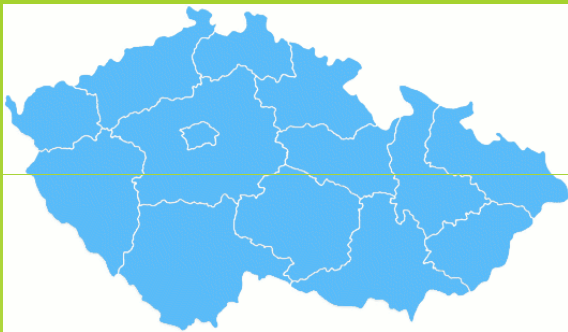
Celkový počet známých mezidruhových hybridů kvetoucích rostlin je odhadován na zhruba 30 000 (Arnold 1997, Rieseberg 1997).

Poměr mezi počtem hybridů a počtem druhů je přibližně
1 : 10

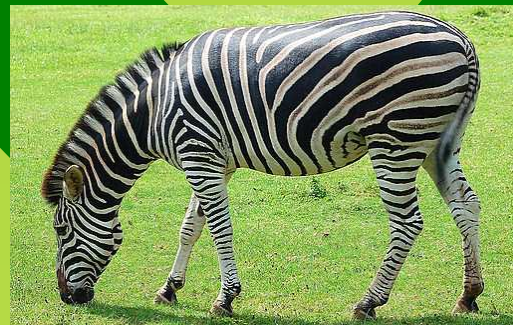
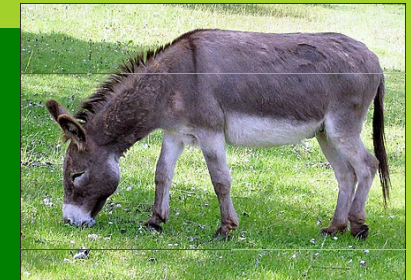


V ČR bylo zaznamenáno 621 ezidruhových a mezirodových hybridů na celkem asi 3 186 volně rostoucích původních a běžně zplaňujících či pěstovaných druhů.

Pro srovnání Velká Británie (647 hybr. / 3 405 spec.),
Německo (797 hybr. / 3 383 spec.)



U živočichů je hybridizace vzácnější než u rostlin

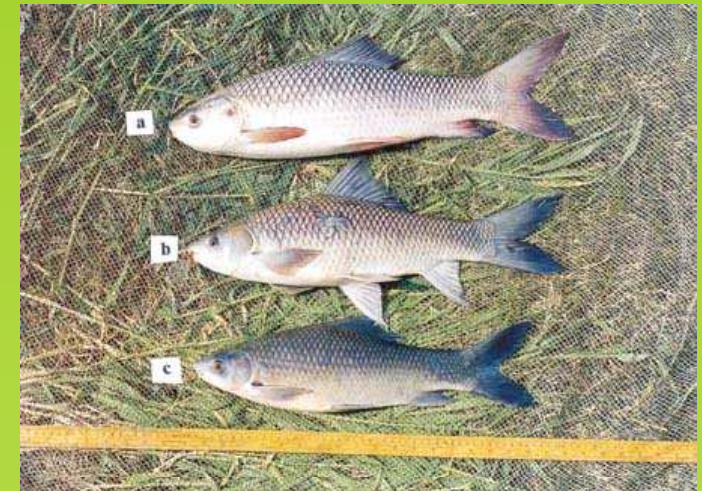


U živočichů není mezidruhová hybridizace tak častá a mezi jednotlivými systematickými skupinami existují v její frekvenci značné rozdíly.



The liger is a hybrid between a male lion and female tiger. The hybrid between a male tiger and female lion is a tigon. [from slides donated to the Life Sciences Department at Palomar College.]

Parmičky: Interspecific hybrids cross between female *Labeo rohita* and male *L. calbasu*



- a. *L. rohita*
- b. Hybrid
- c. *L. calbasu*



Bičochvosti: The asexual whiptail species *Cnemidophorus neomexicanus* (center) with the sexual species that hybridized to form it, *C. inornatus* (left) and *C. tigris* (right). (c) A. J. Cullum

Mezi čeleděmi kvetoucích rostlin je frekvence rodů s mezidruhovou hybridizací rozložena velmi nerovnoměrně, vedle čeledí s vysokou presencí rodů s mezidruhovými hybridy, je většina takových, které neobsahují žádný takový rod (viz Ellstrand et al. 1996)

Proc. Natl. Acad. Sci. USA
Vol. 93, pp. 5090–5093, May 1996
Evolution

Distribution of spontaneous plant hybrids

NORMAN C. ELLSTRAND*†, RICHARD WHITKUS*, AND LOREN H. RIESEBERG‡

*Department of Botany and Plant Sciences and Program in Genetics, University of California, Riverside, CA 92521-0124; and †Rancho Santa Ana Botanic Gardens, 1500 North College Avenue, Claremont, CA 91711

Communicated by Wyatt W. Anderson, University of Georgia, Athens, GA, December 22, 1995

Obecně platí, že vyšší afinitu k tvorbě hybridů mají rostliny:

- s převažující cizosprašností
- se častou klonální reprodukcí

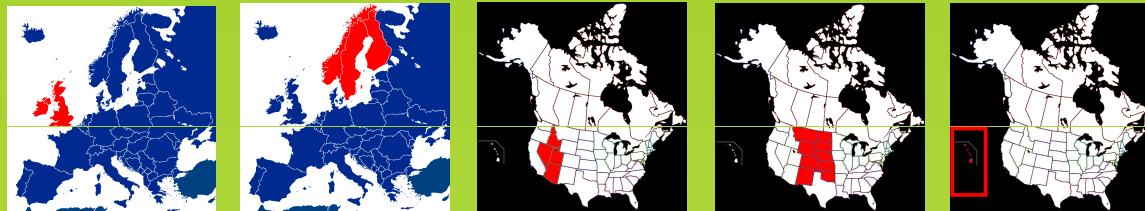
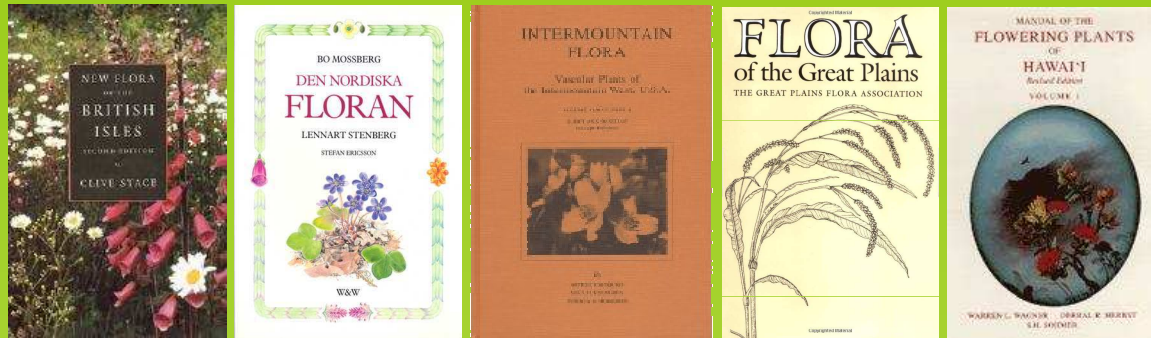


Distribution of spontaneous plant hybrids

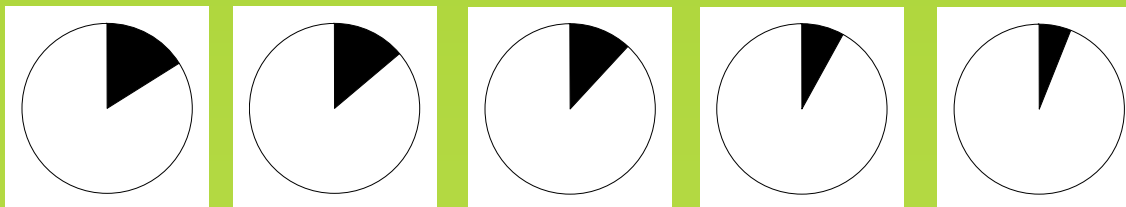
NORMAN C. ELLSTRAND*†, RICHARD WHITKUS*, AND LOREN H. RIESEBERG‡

*Department of Botany and Plant Sciences and Program in Genetics, University of California, Riverside, CA 92521-0124; and †Rancho Santa Ana Botanic Gardens, 1500 North College Avenue, Claremont, CA 91711

Communicated by Wyatt W. Anderson, University of Georgia, Athens, GA, December 22, 1995



Portion of genera with hybrids



Great Britain

Scandinavia

Intermountain

Great Plains

Hawaii

16%

14%

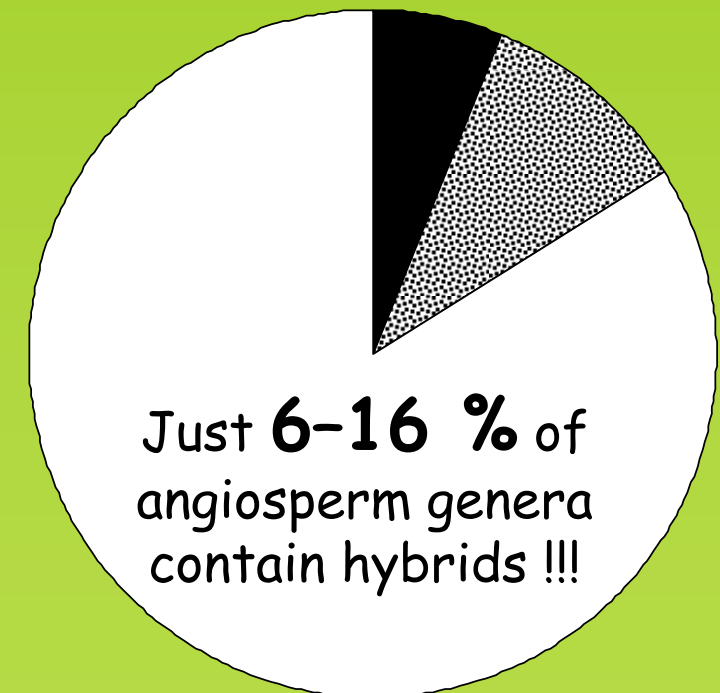
12%

8%

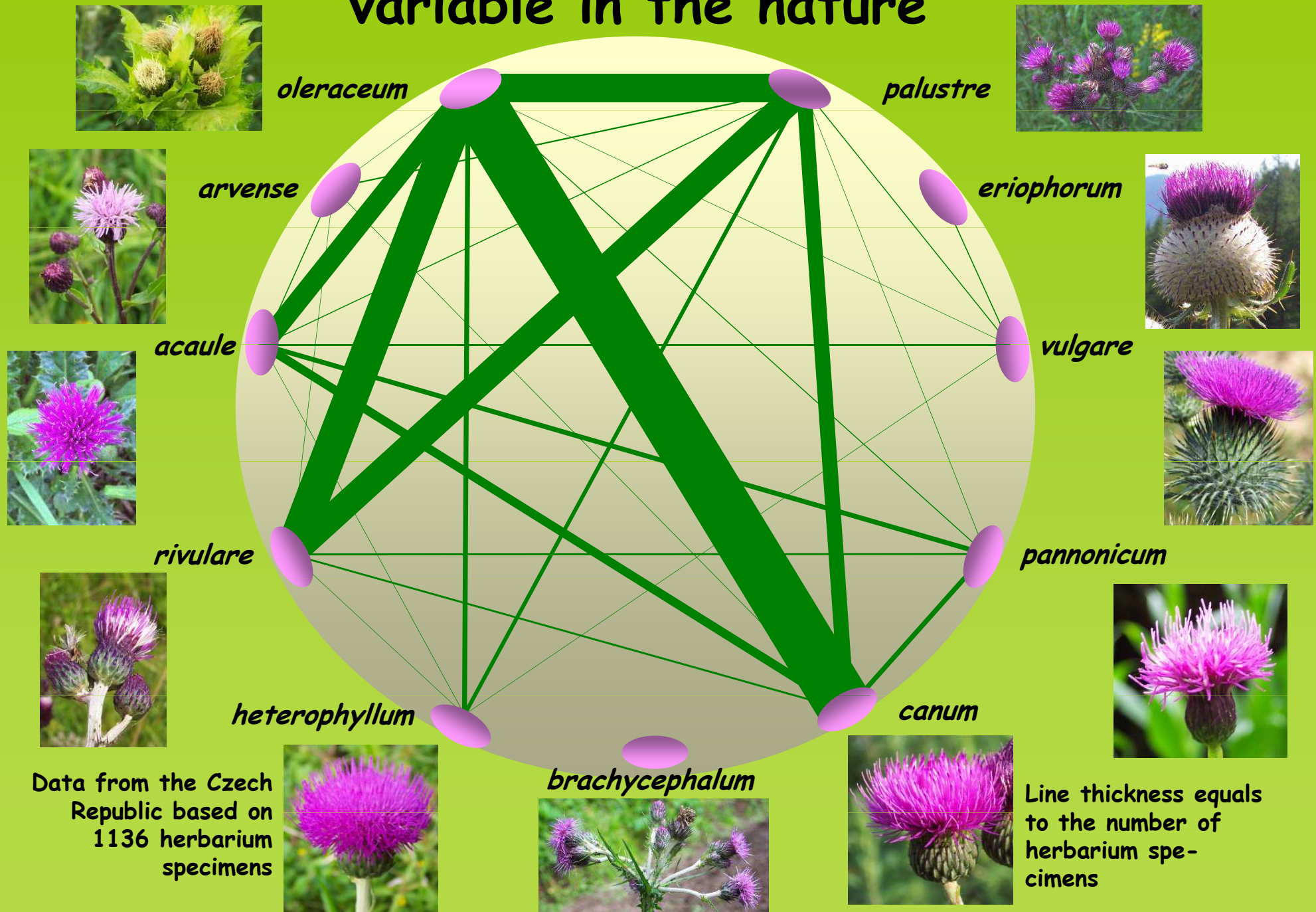
6%

Je nesporné, že rostliny se kříží častěji než živočichové.

Je hybridizace obecnou obecnou vlastností všech rostlin?



The frequency of *Cirsium* hybrids is variable in the nature



Větší čeledi (sensu APG) zcela bez hybridizace (u nás):

Solanaceae (32 druhů)

Alliaceae (25 druhů)

Crassulaceae (23 druhů)

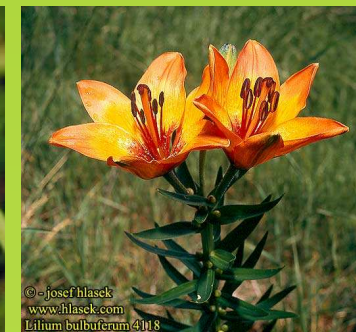
Geraniaceae (23 druhů)

Liliaceae (16 druhů)

Iridaceae (15 druhů)

Convolvulaceae (13 druhů)

Valerianaceae (11 druhů)



Větší rody zcela bez hybridizace (u nás):

Taraxacum (319 druhů)

Hieracium (115 druhů)

Alchemilla (25 druhů)

Vicia (24 druhů)

Trifolium s.l. (23 druhů)

Sedum (19 druhů)

Lathyrus (18 druhů)

Geranium (18 druhů)

Artemisia (17 druhů)

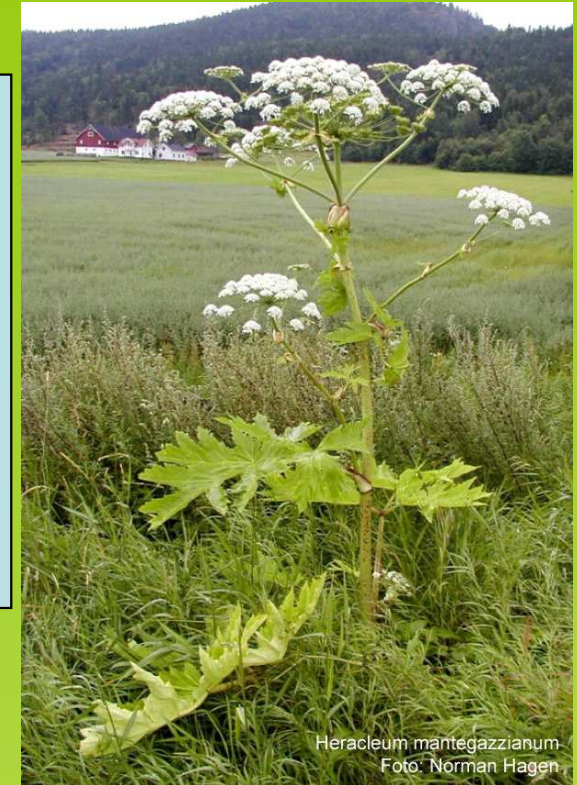
Orobanche (16 druhů)

Solanum (16 druhů)



Větší čeledi (sensu APG) s malým počtem hybridů vůči počtu druhů (u nás):

Apiaceae	(2 hybridy / 87 druhů)
Fabaceae	(4 hybridy / 142 druhů)
Rubiaceae	(1 hybrid / 34 druhů)
Hyacinthaceae	(1 hybrid / 16 druhů)
Brassicaceae	(10 hybridů / 134 druhů)
Plantaginaceae	(6 hybridů / 74 druhů)
Ericaceae	(2 hybridy / 24 druhů)
Primulaceae	(2 hybridy / 24 druhů)
Saxifragaceae	(2 hybridy / 19 druhů)
Malvaceae	(3 hybridy / 27 druhů)
Caryophyllaceae	(13 hybridů / 113 druhů)



Větší rody s malým počtem hybridů vůči počtu druhů (u nás):

Rubus	(1 hybrid / 90 druhů)
<i>Galium</i> s.l.	(1 hybrid / 25 druhů)
<i>Silene</i> s.l.	(1 hybrid / 18 druhů)
Sorbus	(1 hybrid / 17 druhů)



Čeledi (sensu APG) s relativně největším počtem hybridů vůči počtu druhů (u nás):

Scrophulariaceae	(27 hybridů / 16 druhů)
Onagraceae	(54 hybridů / 36 druhů)
Salicaceae	(38 hybridů / 33 druhů)
Polygonaceae	(38 hybridů / 42 druhů)
Fagaceae	(10 hybridů / 13 druhů)
Orchidaceae	(29 hybridů / 58 druhů)
Nymphaeaceae	(2 hybridy / 4 druhy)
Dipsacaceae	(6 hybridů / 15 druhů)
Betulaceae	(5 hybridů / 13 druhů)
Cyperaceae	(39 hybridů / 110 druhů)
Lamiaceae	(35 hybridů / 99 druhů)

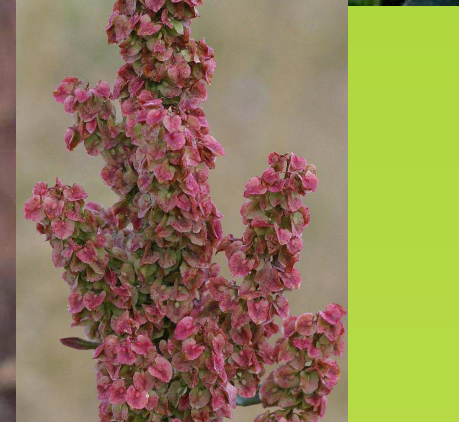
Rody s největším počtem hybridů na počet druhů (u nás):

Verbascum	(27 hybridů / 9 druhů)
Cirsium	(33 hybridů / 11 druhů)
Epilobium s.l.	(46 hybridů / 18 druhů)
Mentha	(8 hybridů / 5 druhů)
Arctium	(6 hybridů / 4 druhy)
Thymus	(11 hybridů / 8 druhů)
Crataegus	(11 hybridů / 8 druhů)
Dactylorhiza	(11 hybridů / 8 druhů)
Rumex	(27 hybridů / 20 druhů)
Salix	(35 hybridů / 27 druhů)
Viola	(29 hybridů / 23 druhů)
Carduus	(5 hybridů / 4 druhy)



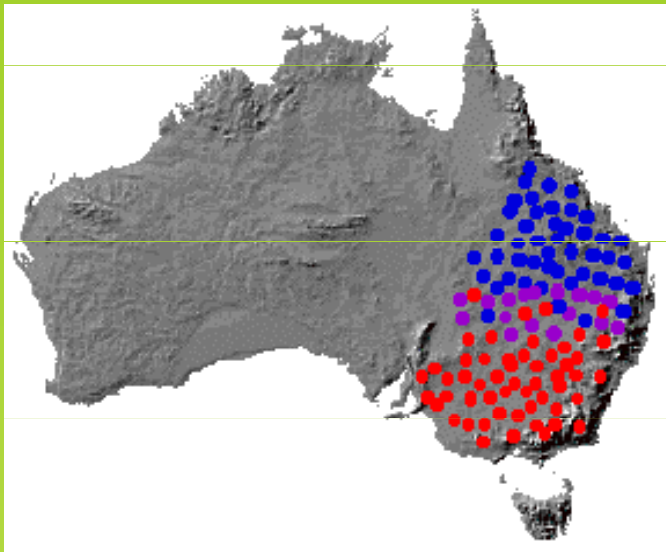
Rody s největším počtem hybridů (u nás):

Epilobium s.l.	(46 hybridů)
Carex s.l.	(35 hybridů)
Salix	(35 hybridů)
Cirsium	(33 hybridů)
Viola	(29 hybridů)
Verbascum	(27 hybridů)
Rumex	(27 hybridů)
Potentilla	(21 hybridů)
Thymus	(11 hybridů)
Crataegus	(11 hybridů)
Dactylorhiza	(11 hybridů)
Quercus	(10 hybridů)



Prostorová distribuce hybridů:

- náhodná
- hybridní roje
- hybridní zóny



Examples of natural variation in a hybrid zone between *Aquilegia formosa* and *A. pubescens* in the Sierra Nevada Mountains of California - Justen Whittall, University of California, Santa Barbara

Důsledky hybridizace 1:

speciace,

allopolyploidie,

apomixie



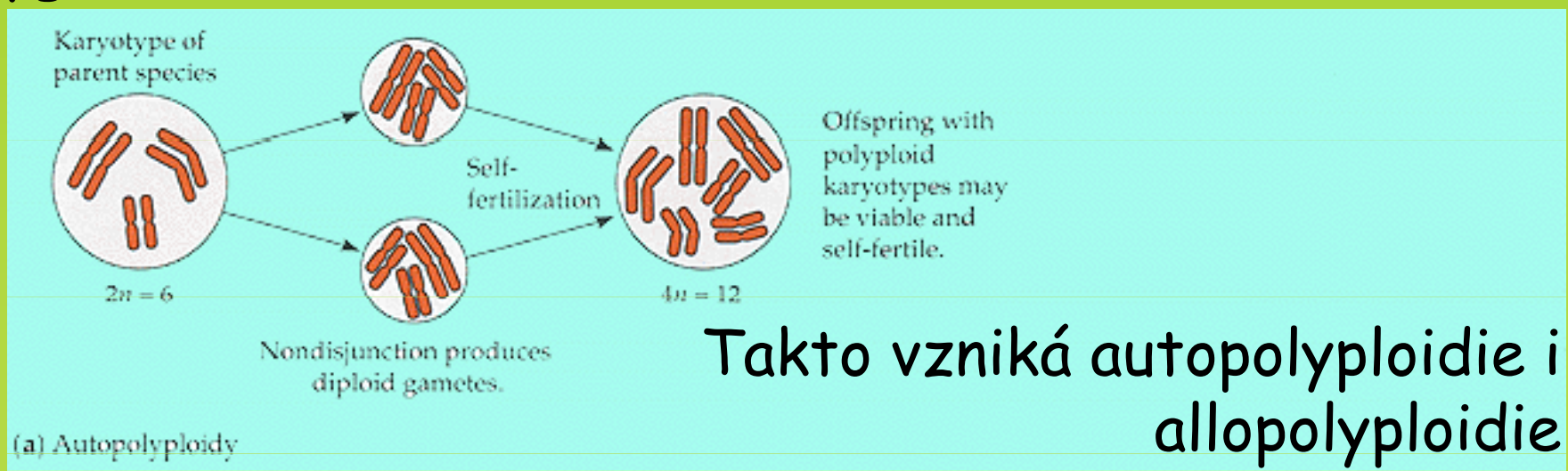
Vznik polyploidie - 3 základní způsoby (v přiroz. podm.)

(i) na počátku F1 splynutím neredukovaných gamet,

neredukované vajíčko + redukovaný pyl = triploidní zygota, nejčastější případ

redukované vajíčko + neredukovaný pyl = triploidní zygota,

neredukované vajíčko + neredukovaný pyl = tetraploidní zygota



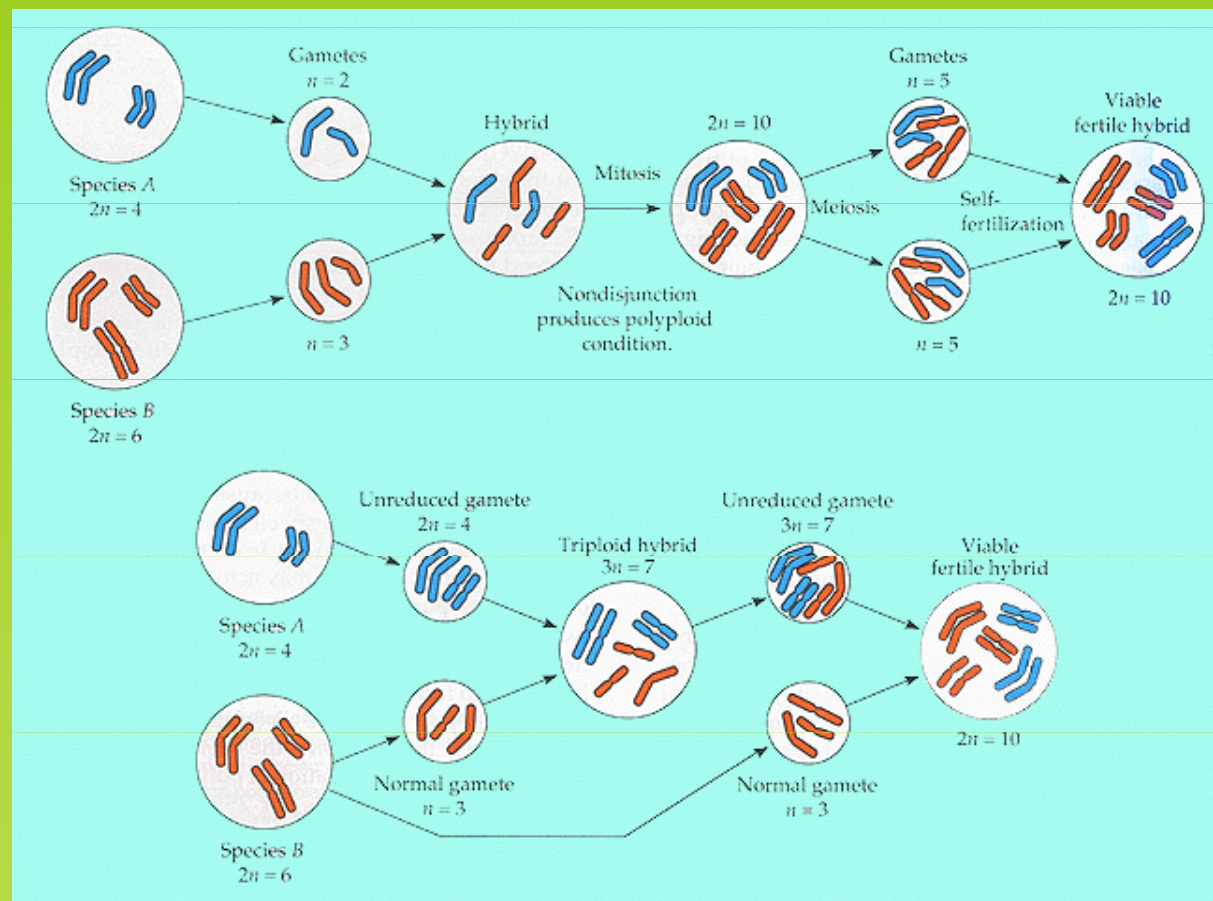
Takto vzniká autopolyploidie i allopolyploidie

méně častý případ

(ii) homoploidní **hybrid** v důsledku meiotických disturbancí vytvoří **při meiozi neredukované gamety**, tj. polyploidie se projeví až **v následující generaci**

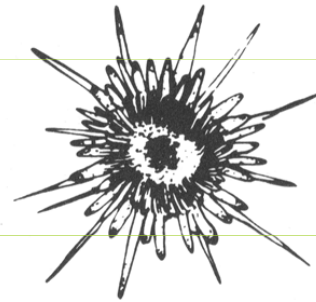
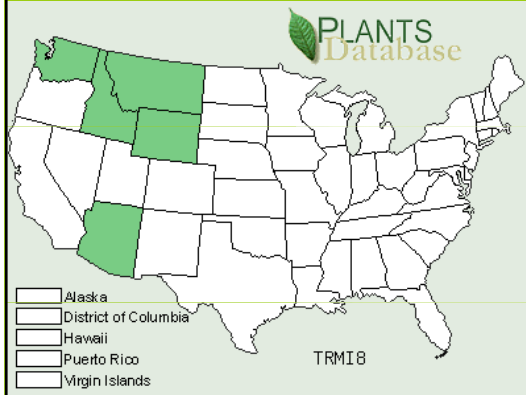
F2 (= F1 × F1), BC1 (F1 × P1 nebo F1 × P2), nebo

F1 × jiný druh

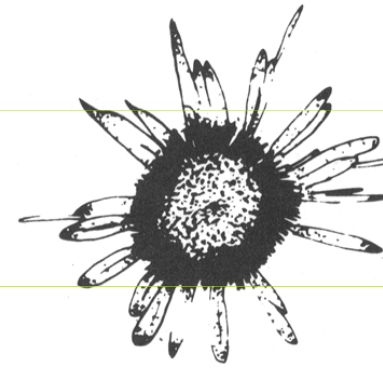


častý případ

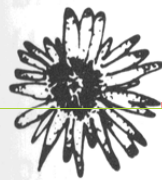
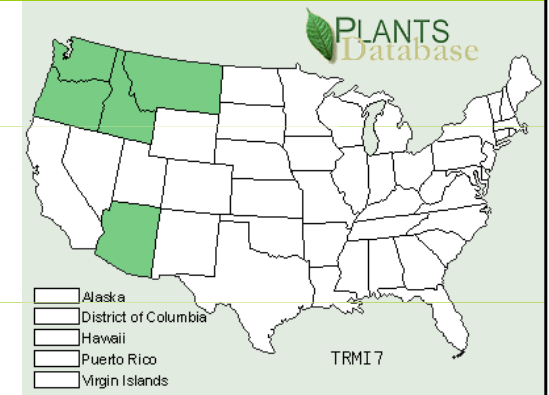
Recentní alloploidní hybridogeneze v rodu *Tragopogon*



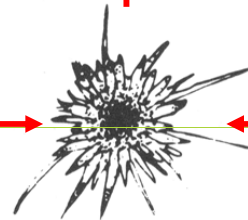
miscellus $2n = 24$



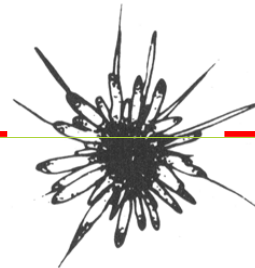
mirus $2n = 24$



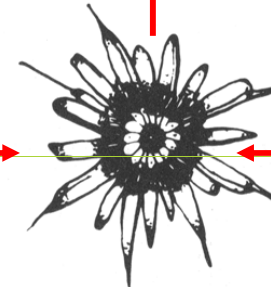
pratensis
 $2n = 12$



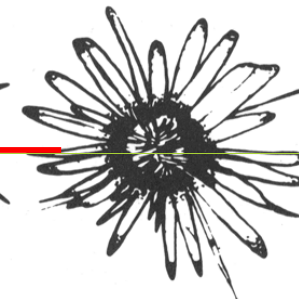
F_1
 $2n = 12$



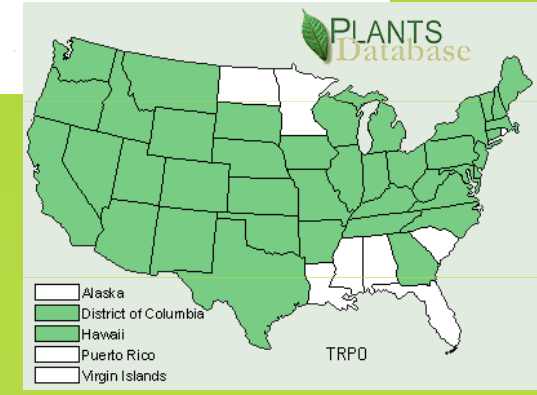
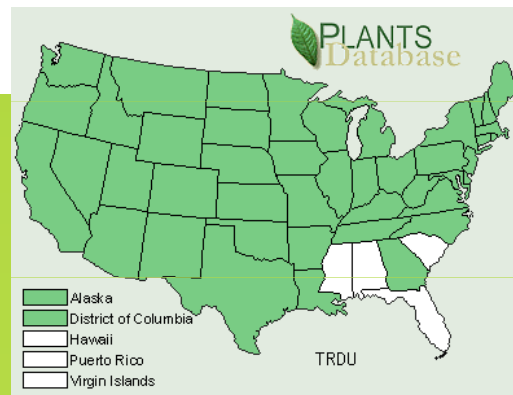
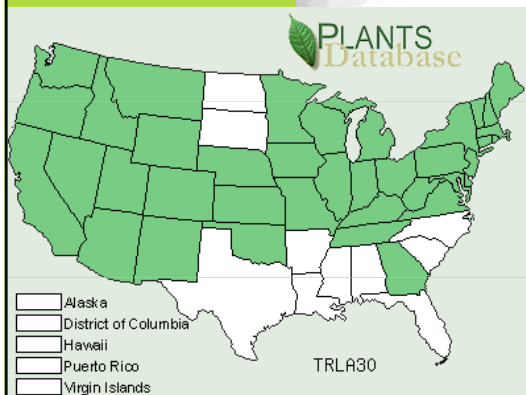
dubius
 $2n = 12$



F_1
 $2n = 12$



porrifolius
 $2n = 12$





T. pratensis, krátkověký monokarpický

T. porriifolius, krátkověký monokarpický

Alternativní homoploidní hybridizace

morfotypy diploidního $2n = 12$
hybrida

T. × mirabilis

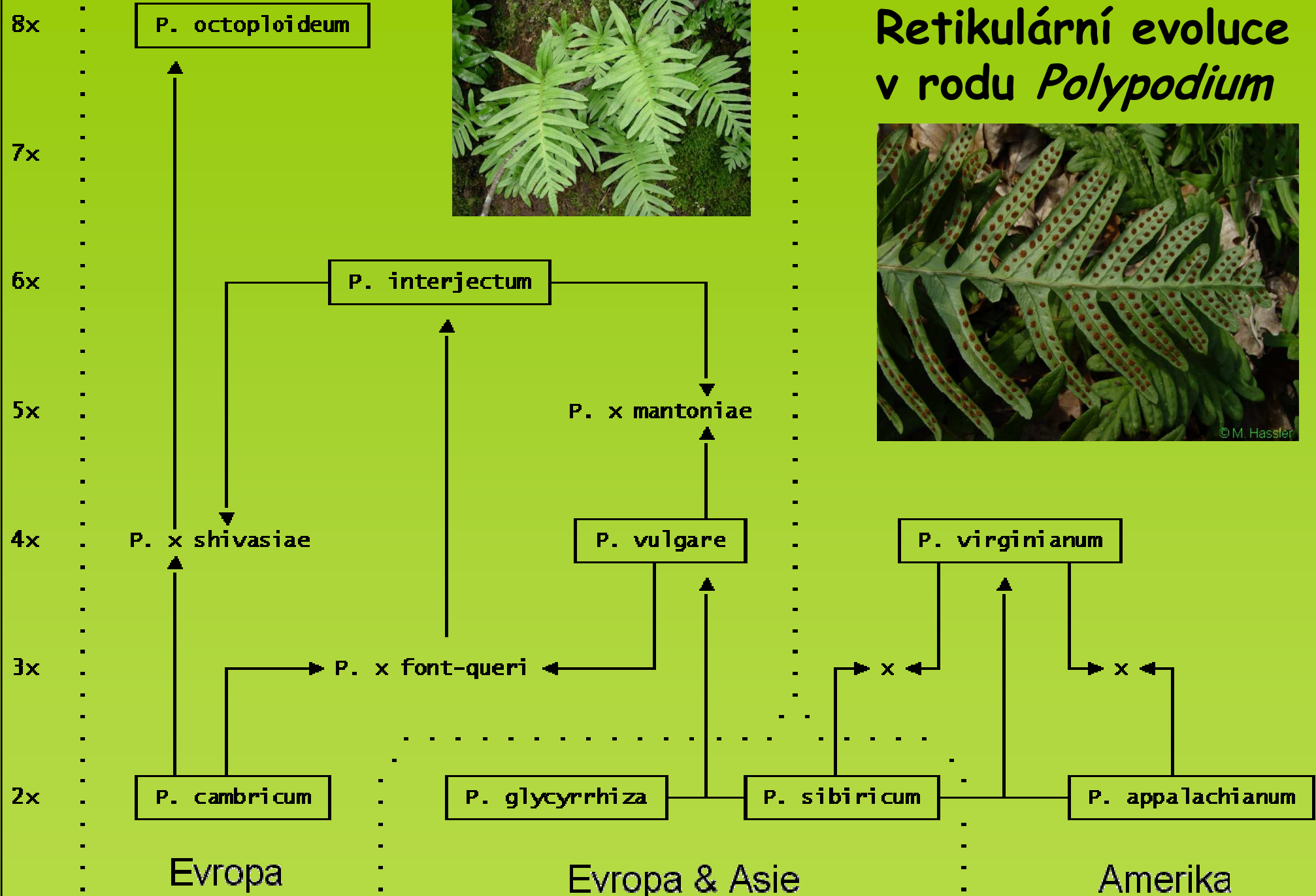
od Roudnice nad Labem

je vytrvalý polykarpický !!!

Krahulec et al.: An old hybrid *Tragopogon* population in Central Bohemia

Preslia 77: 297–306, 2005

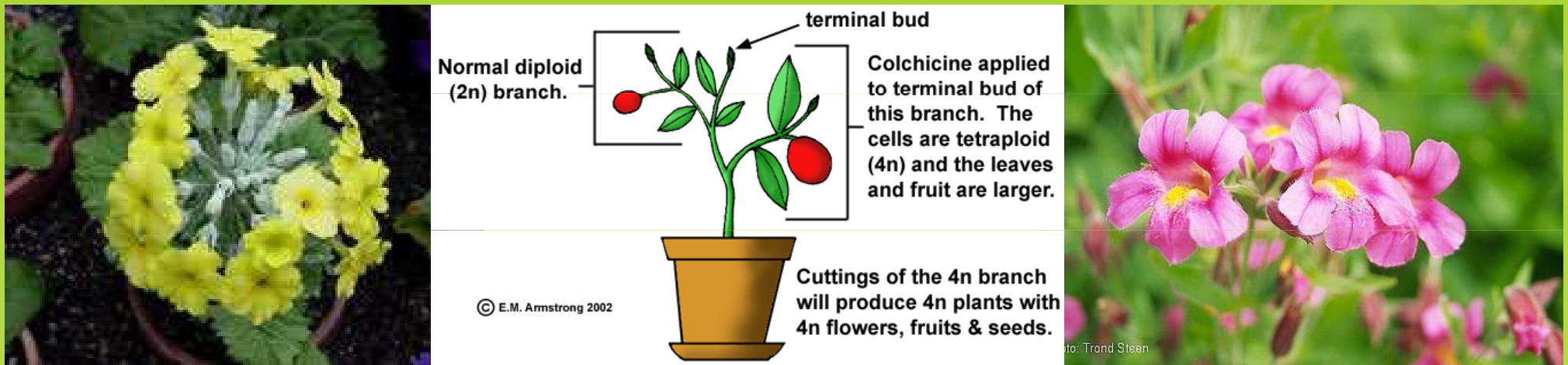
Retikulární evoluce v rodu *Polypodium*



(iii) k chromosomálnímu zdvojení dojde **v somatické buňce během mitózy,**

pravděpodobně nejméně frekventovaný způsob,

prokázáno jen velmi vzácně např. u homoploidního hybrida *Primula kewensis*, u něhož vedlo k odstranění sterility, dále také u *Nicotiana digluta*, nebo diploidního hybrida mezi *Mimulus nelsoni* a *M. lewisii*



vzácný případ

Kdy vznikají neredukované gamety?

1. větší afinita tvořit neredukované oosféry častěji než neredukovaný pyl, který je také méně životaschopný než pyl redukovaný
2. tendence tvořit neredukované gamety stoupá s **rostoucí úrovní ploidie**, také u populací s **fakultativní apomixií** nebo **inbredních populací** je tvorba neredukovaných gamet vyšší.
3. **u hybridů** byla prokázána až 50× větší frekvence neredukovaných gamet než u nehybridních jedinců (Ramsey & Schemske 1998).
4. **vliv různých abiotických faktorů** na vznik diploidních gamet byl také prokázán (McHalle 1983).

Potenciální důsledky polyploidizace

Restrukturalizace genomu polyploida, která eliminuje sterilitu hybridů s rekombinovaným genomem, generuje novou genetickou variabilitu

ta může způsobit:

- vyšší adaptabilitu
- větší schopnost invadovat do nových území a obsazovat jiné ekologické niky
- vyšší toleranci ke stresu vyvolanému změnami prostředí, jakými může být nutriční deficiencie, sucho, chlad či tlak parazitů nebo patogenů
- vyšší toleranci vůči inbrední depresi

Hybridization as a stimulus for the evolution of invasiveness in plants?

Norman C. Ellstrand** and Kristina A. Schierenbeck^{†§}

PNAS | June 20, 2000 | vol. 97 | no. 13 | 7043-7050

^{*}Department of Botany and Plant Sciences and Center for Conservation Biology, University of California, Riverside, CA 92521-0124; and [†]Department of Biology, California State University, Chico, CA 93740

Circaea alpina × *C. lutetiana* - klonálně stabilizovaný hybrid

Reynoutria japonica × *R. sachalinensis* - klonálně stabilizovaný

Mentha aquatica × *M. arvensis* - klonálně stabilizovaný

Spartina alternifolia × *S. maritima* - *S. anglica* allopolyploid

Viola reichenbachiana × *V. riviniana*

Elytrigia intermedia × *E. repens*

Variation in DNA-ploidy Levels of *Reynoutria* Taxa in the Czech Republic

BOHUMIL MANDÁK^{1,*}, PETR PYŠEK¹, MARTIN LYSÁK², JAN SUDA^{1,3},
ANNA KRAHULCOVÁ¹ and KATEŘINA BÍMOVÁ^{1,4}

¹Institute of Botany, Academy of Sciences of the Czech Republic, CZ-252 43 Průhonice, Czech Republic, ²Laboratory of Molecular Cytogenetics and Cytometry, Institute of Experimental Botany, Sokolovská 6, CZ-772 00, Olomouc, Czech Republic, ³Department of Botany, Charles University, Benátská 2, CZ-128 01, Prague, Czech Republic and ⁴Institute of Applied Ecology, Czech Agricultural University Prague, CZ-281 63 Kostelec nad Černými lesy, Czech Republic



Mandák et al. — Variation in DNA-ploidy levels of *Reynoutria* Taxa

269

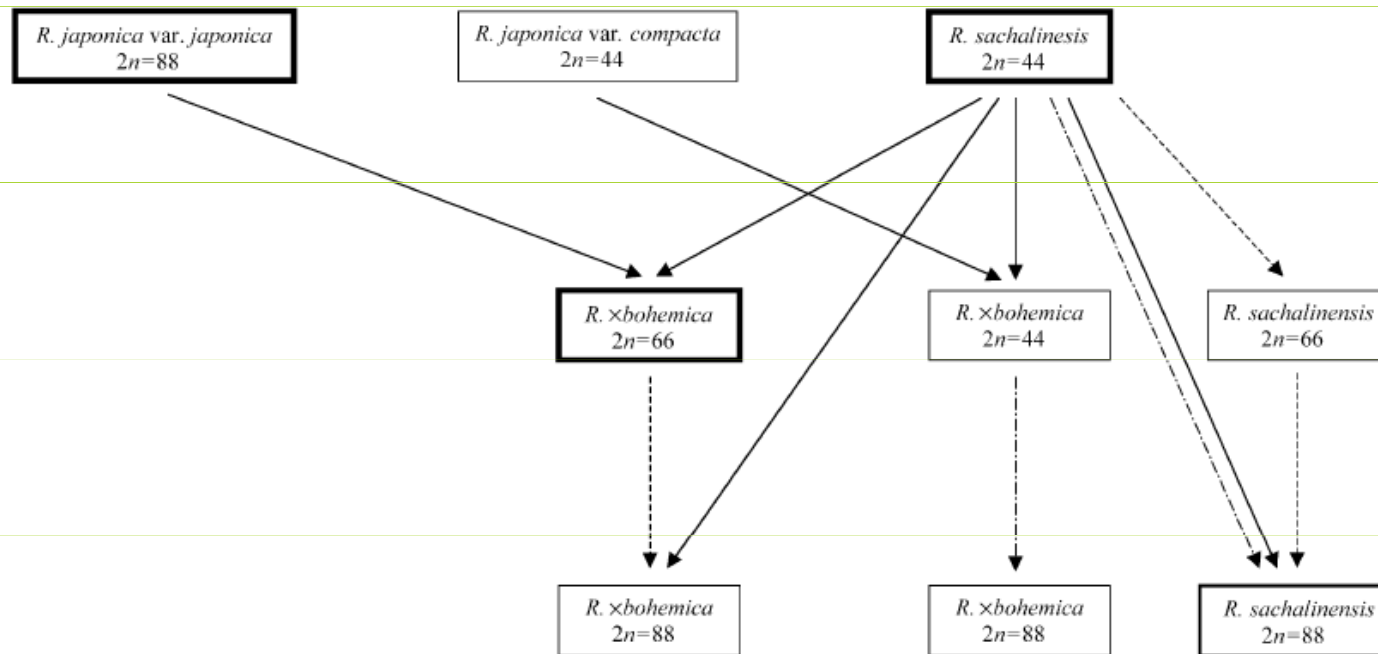


FIG. 4. Schema of hybridization and polyploidization within the genus *Reynoutria* in the Czech Republic. More frequent ploidy levels are indicated by wider frames: those with 6–20 localities have intermediate frames, those with more than 20 localities have wide frames. Solid lines indicate origin of particular taxa by hybridization, dashed lines indicate expected fusion of reduced and unreduced gametes, and dot-and-dashed lines indicate autopolyploidization.



Senecio aethnensis

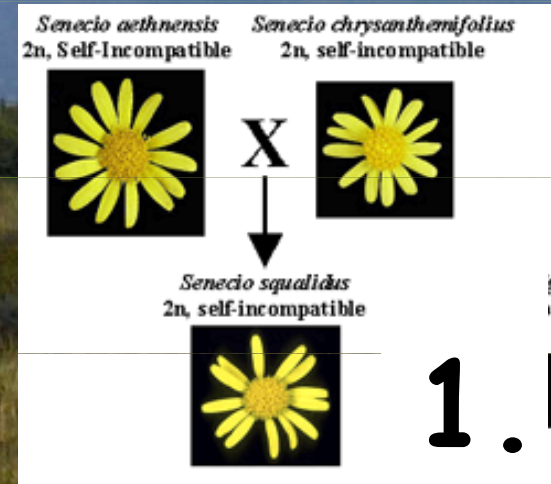
$2n = 20 = 2x$

Porosty
Astragalus
siculus na
lávových
svazích Etny
= hybridní zóna

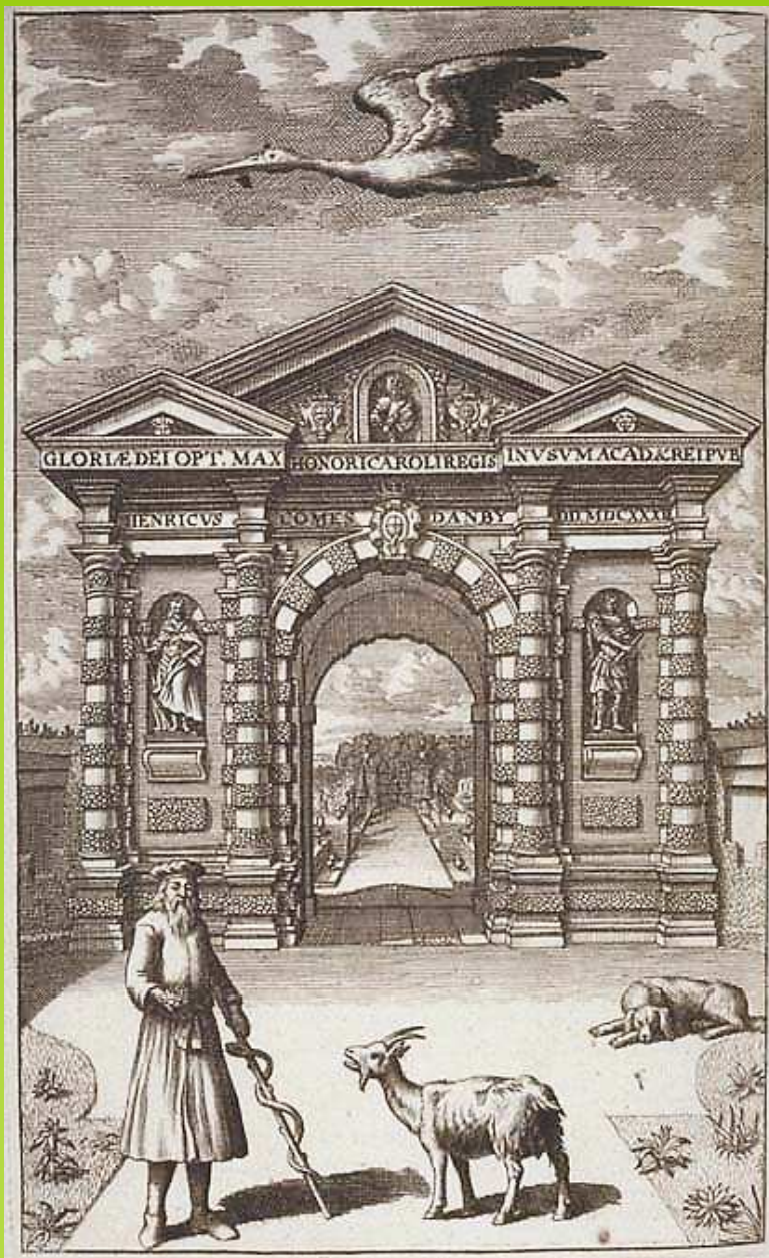


Senecio chrysanthemifolius

$2n = 20 = 2x$

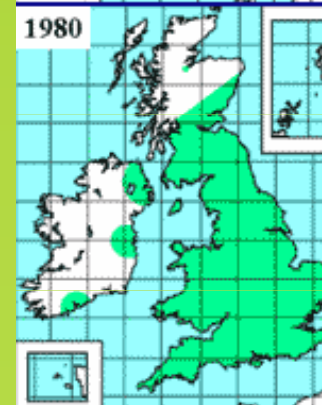
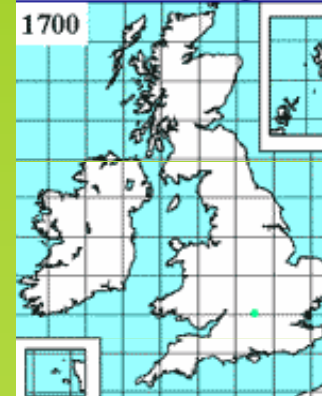


2. ca 1690 byl hybrid *Senecio squalidus* přivezen do Anglie a pěstován v botanické zahradě v Oxfordu,



Herbářový doklad *Senecio squalidus* od Oxfordského zahradníka Jacoba Bobarta

Oxford ragwort distribution in the United Kingdom

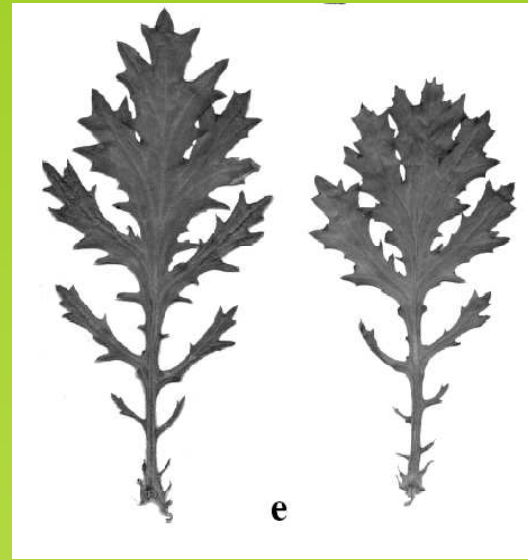
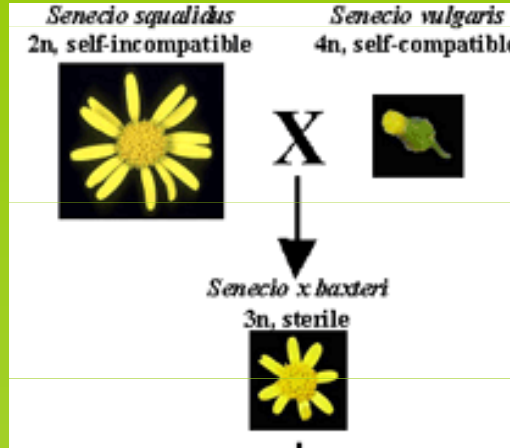
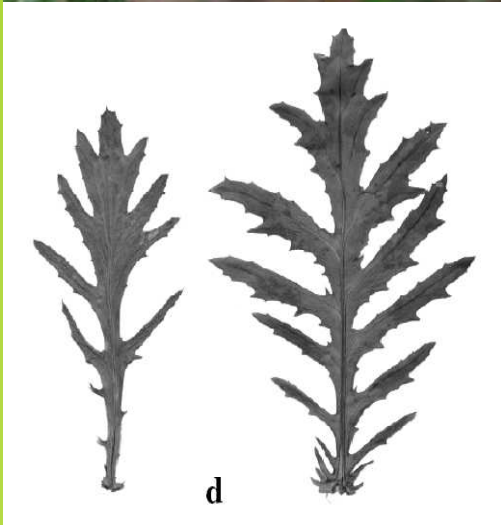


Z Oxfordu se během průmyslové revoluce *Senecio squalidus* rozšířil podél komunikací na celé území britských ostrovů

3.

Senecio squalidus

$$2n = 2x = 20$$



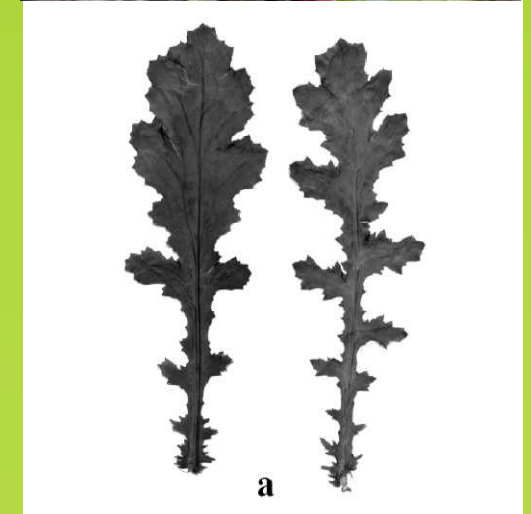
Senecio x baxteri

$$2n = 3x = 30$$

sterilní hybrid

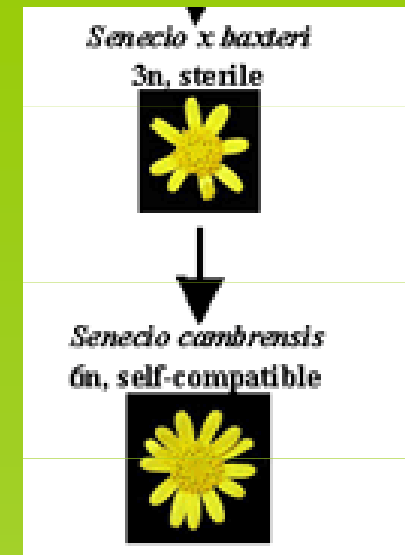
Senecio vulgaris

$$2n = 4x = 40$$



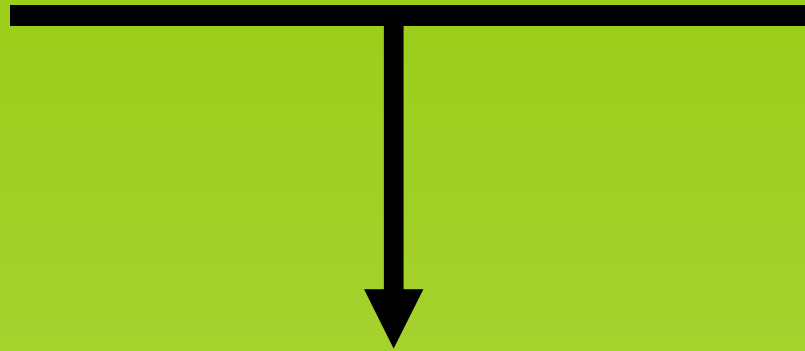
4.

- *Senecio cambrensis*; $2n=6x = 60$;
nalezen poprvé na železničních náspech 1948 v severním Walesu
fertilní, schopen se rychle šířit pomocí generativních diaspór

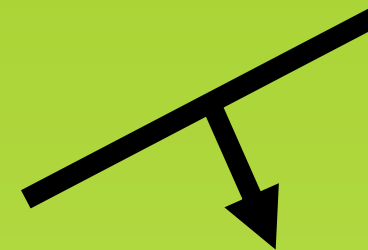


?

$2n = 20$



$2n = 40$



large hybrid populations?

Důsledky polyploidizace - vyšší heterozygocita

Prezence více kopií různých genomů u allopolyploidů podmiňuje výrazně vyšší alelickou diverzitu a díky disomické dědičnosti fixovanou heterozygositou, stejně jako zvyšuje možnost vzniku nových genových kombinací v důsledku případné další hybridizace (Samuel et al. 1990, Wolf et al. 1990, Brochmann et al. 1992, Bretagnolle et al. 1998, Soltis & Soltis 2000);

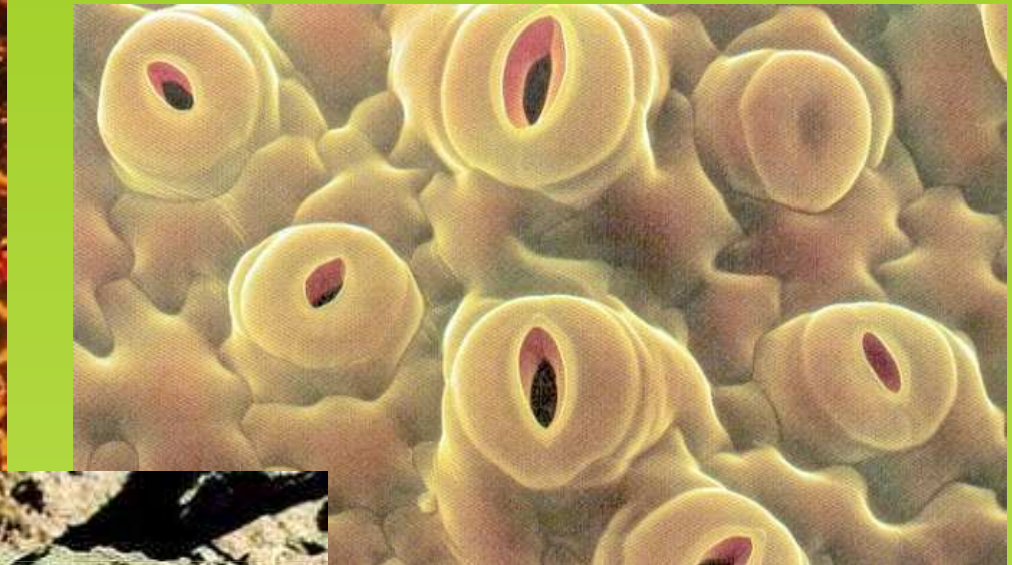
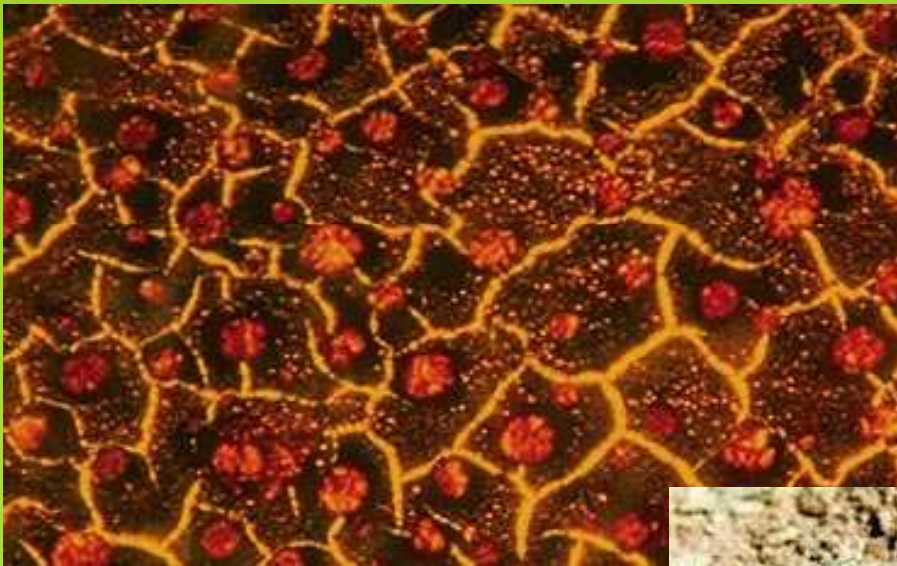
také u autopolyploidů heterozygocita vyšší než u diploidů díky polysomické dědičnosti (Soltis & Soltis 2000).

Polyploidie může způsobovat eliminaci genových duplikací vedoucí k úbytku množství DNA, jak bylo prokázáno např. srovnáním množství DNA u přirozených a nově indukovaných autotetraploidů např. u *Cochlearia pyreneica* (Gupta 1981) nebo u *Plantago media* (van Dijk & van Delden 1990).



Frekvence polyploidie

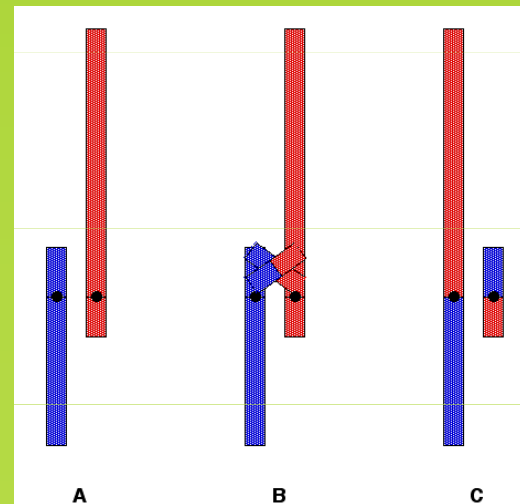
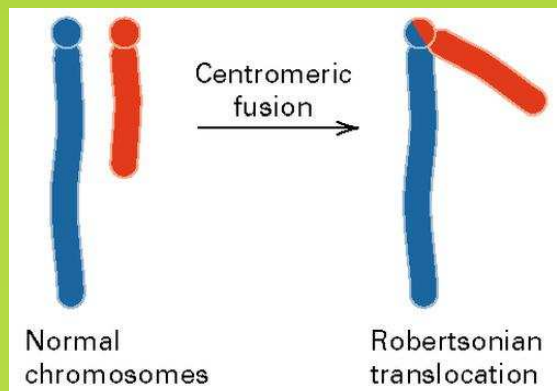
Na základě studia průduchů na listech fosilních rostlin předpokládá Masterson (1994), že 40-70% druhů kvetoucích rostlin prošlo minimálně jedenkrát ve své historii polyploidizací, jiní autoři uvádějí rozmezí 30-80% (Stebbins 1971, Grant 1981, Wendel 2000).



Frekvence polyploidie

Mnoho kvetoucích rostlin považovaných za typické diploidy, např. *Arabidopsis thaliana*, jsou ve skutečnosti velmi staří polyploidi (paleopolyploids).

V minulosti podstoupili jednou nebo vícekrát zdvojení chromosomové sady, přestože se dnes chromosomálně jeví jako diploidní.



Frekvence polyploidie

Všechny kvetoucí rostliny prošly minimálně 3x paleopolyploidizací:

první před 225-300 miliony lety,

druhou před 150-170 miliony lety a

třetí před 25 miliony let.



U rostlin poprvé polyploidii pozoroval a popsal holandský botanik a znovuobjevitel Mendelových zákonů Hugo de Vries (1905) u *Oenothera lamarckiana*, když vedle normálního $2n = 14$ zaznamenal také tetraploidní $2n = 28$; nositele této vlastnosti pojmenoval jako nový druh *Oenothera gigas*.



Termín polyploidie pak zavedl Eduard Strasburger (1910).

První experimenty s umělým vyvoláním allopolyploidizace (při hybridizaci *Solanum lycopersicon* a *S. nigrum*) uskutečnil Hans Winkler (1916).

Význam autopolyploidního vzniku taxonů pak shrnul Müntzing (1936), který uvádí celkem 58 příkladů autopolyploidně vzniklých taxonů.



Foto: Anna-Lena Anderberg

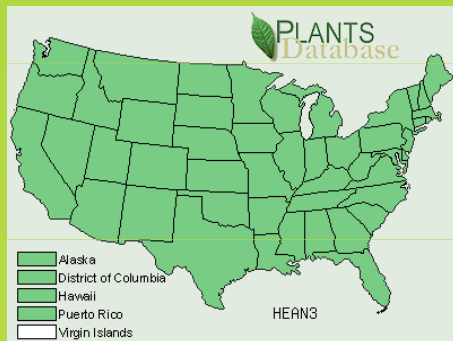
© Jardin Mundat

Homoploidní hybridogenní speciace

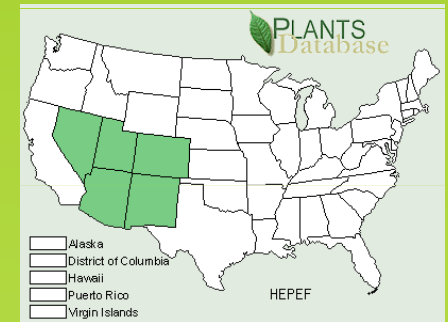


Helianthus annuus

$2n = 34$



*Helianthus
petiolaris*
 $2n = 34$



Helianthus paradoxus

$2n = 34$



Homoploidní speciace v rodu *Encelia* v pouštních pohořích a v Mohavské a Sonorské poušti



Encelia actoni *Encelia virginensis* *Encelia frutescens*

Encelia virginensis instead typifies hybrid speciation with external barriers. *Encelia* species are obligate outcrossers, and ordinarily form fertile F1 interspecific hybrids, but there is strong selection against backcross progeny in the natural environment. *Encelia virginensis* appears to have originated on the periphery of the ranges of its parent species; selection for the adapted F1 phenotype allowed it to expand its range to the east as it stabilized its genotype.

Circaea intermedia

$2n=22,33$



Circaea lutetiana

$2n=22$



Circaea alpina

$2n=22$

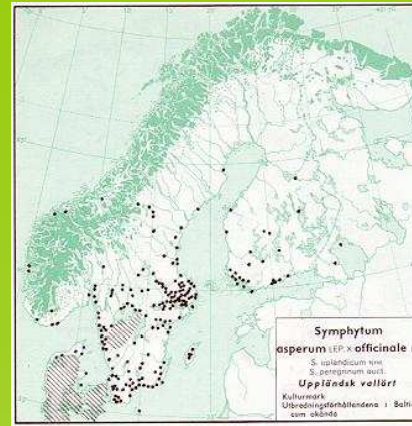


Heteroploidní hybridogenní speciace



Foto: Arne Anderberg

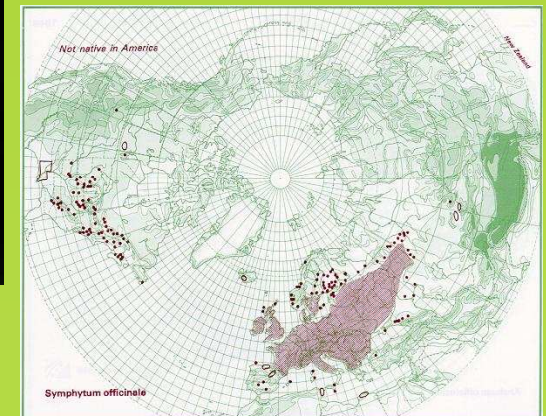
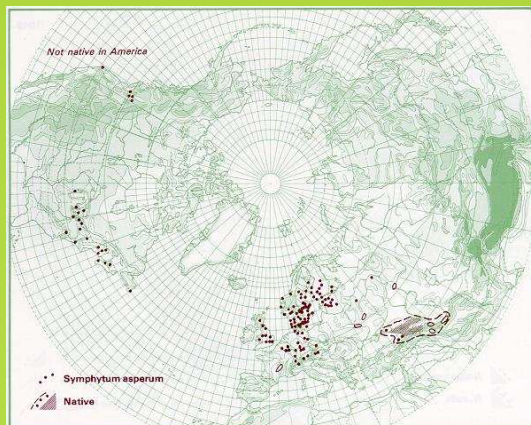
Symphytum asperum
 $2n = 32$



Symphytum officinale
 $2n = 48$



Symphytum uplandicum
 $2n = 40$



Potentilla argentea



$2n = 14$
suché trávníky
antropicky
ovlivněné
Eurasie

Potentilla inclinata



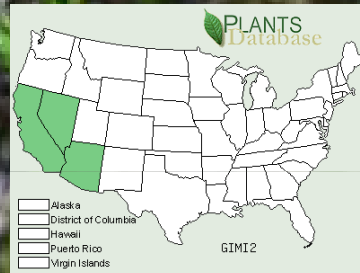
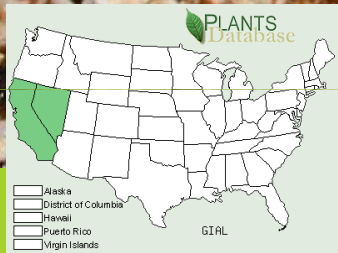
$2n = 14, 28, 35, 42, 84$

Potentilla recta



$2n = 42$
stepní druh
Evropa, S. Afrika,
Z Asie

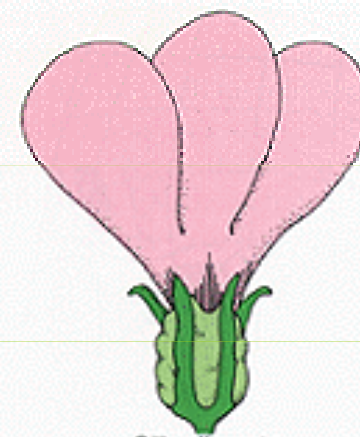
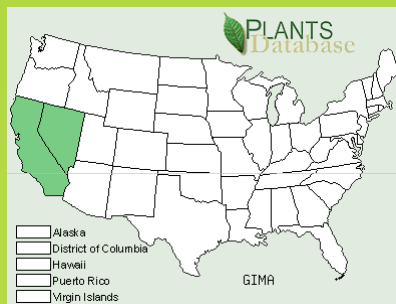
Evropa až J Sibiř často na sekundárních stanovištích



Gilia aliquanta $2n = 18$

Gilia minor
 $2n = 18$

Allopoloidní
hybridogenní speciace
- *Gilia malior* $2n = 36$
(Polemoniaceae)



Gilia aliquanta



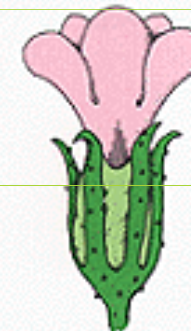
Chromosomes



Gilia minor



Chromosomes



Gilia malior



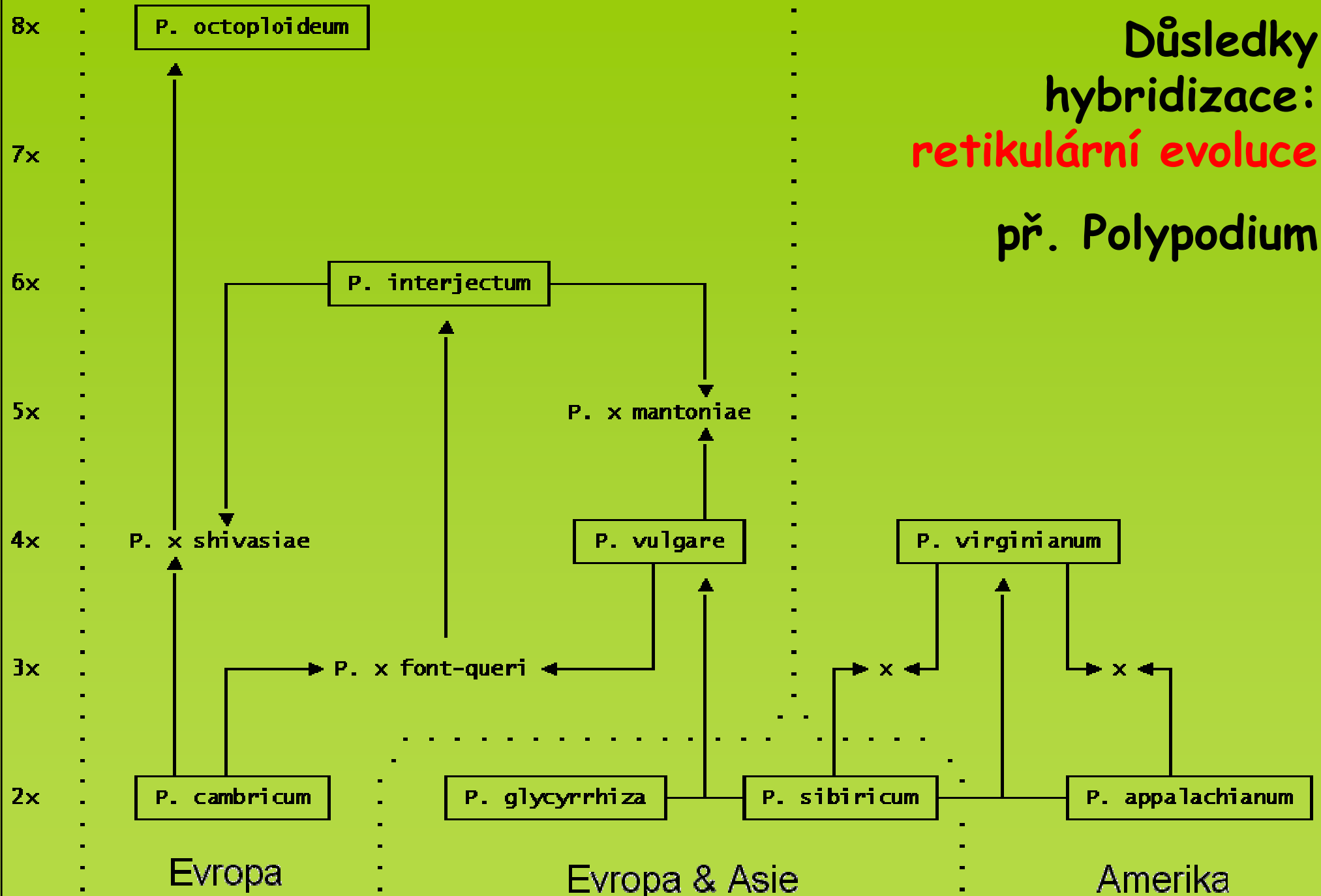
Chromosomes

Figure 40-8 INSTANT SPECIATION: POLYPLOIDY IN *Gilia*.

Plants can form "instant species" through polyploidization, the duplication of an entire set of chromosomes. *Gilia malior*, for example, occasionally undergoes allopolyploidization, the doubling of chromosomes from two parent plants of different species. The 18 chromosomes in *G. malior* are no longer exact copies of the 9 from each parent species, reflecting changes in the chromosomes subsequent to the "speciation" event.

Důsledky
hybridizace:
retikulární evoluce

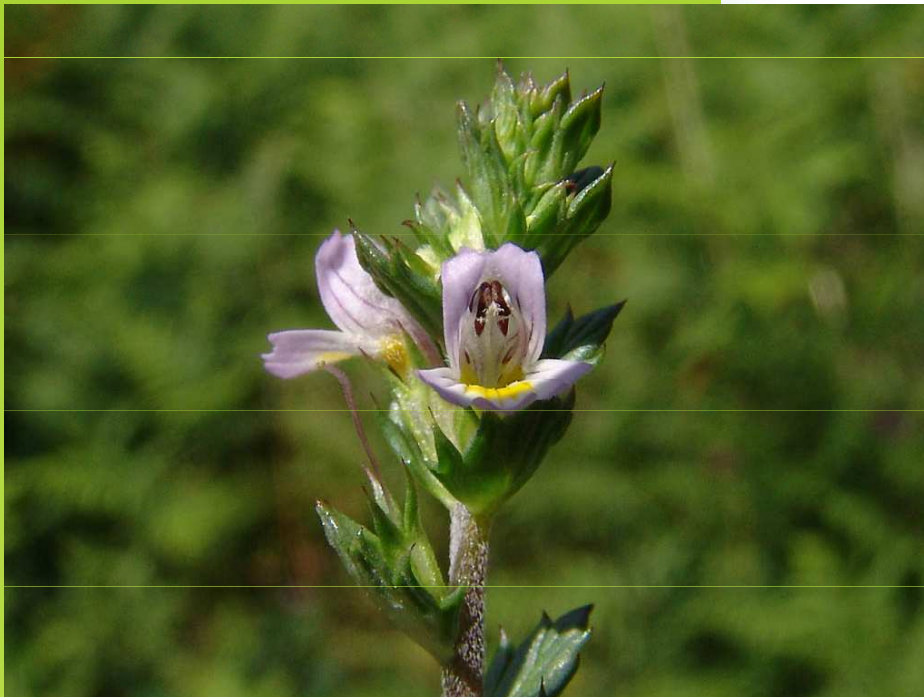
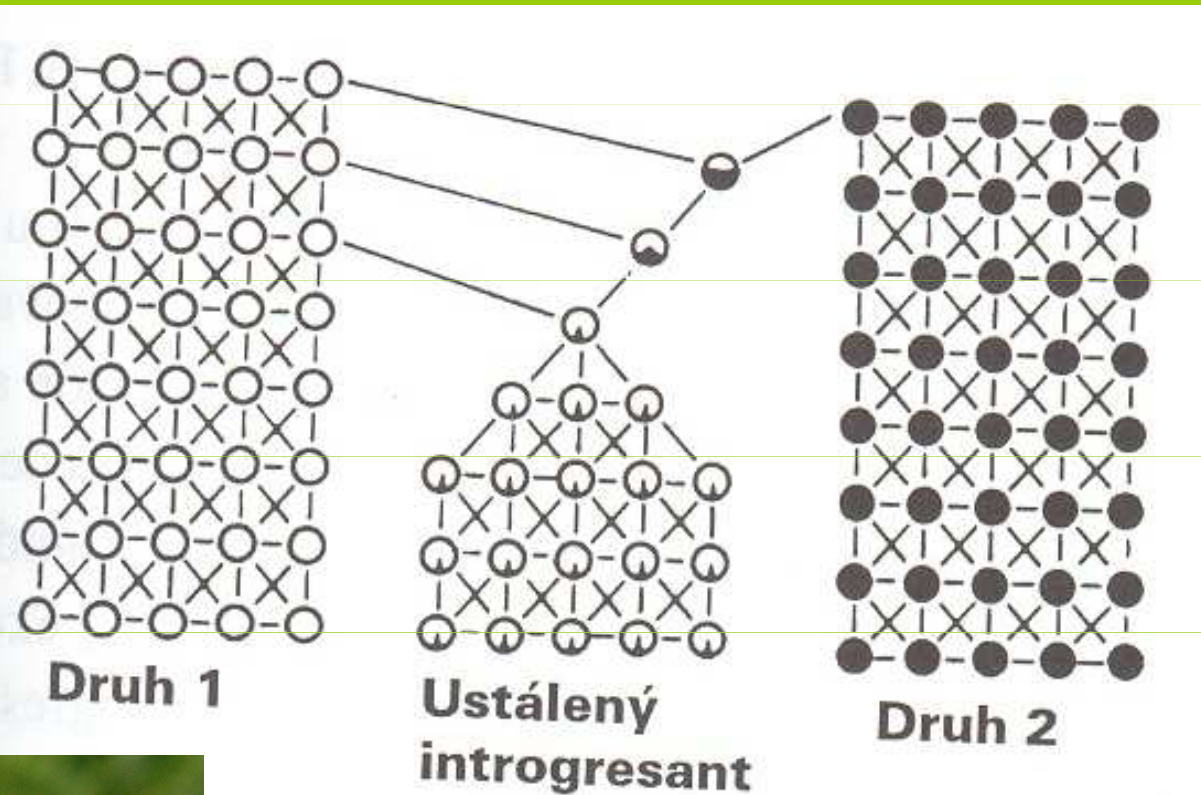
př. Polypodium



Důsledky hybridizace 2: introgrese znaků

Euphrasia stricta
lysé listy a listeny

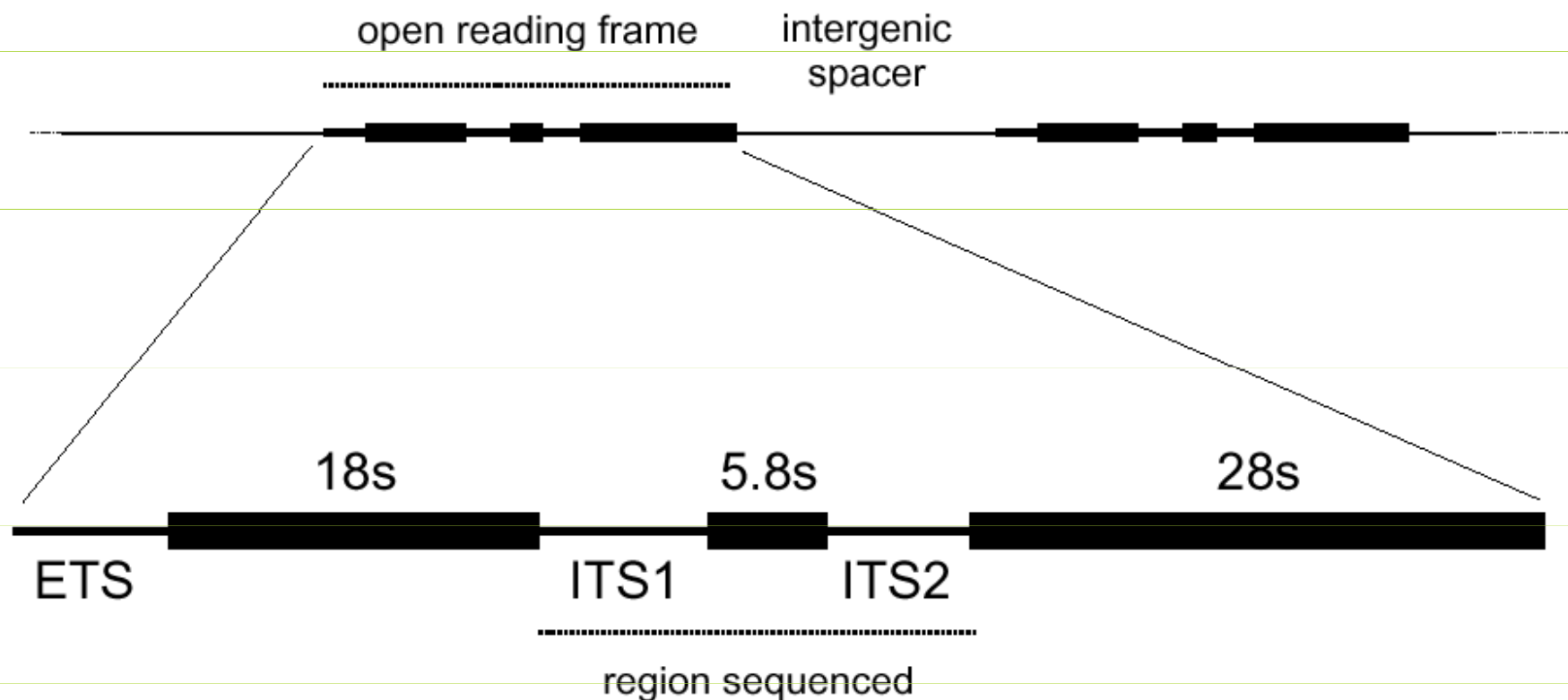
E. tatarica -
štetinatě chlupaté



V teplejším období se *E. tatarica* dostala do vyšších poloh, kde se setkala s *E. stricta*, dnes některé populace *E. stricta* mají štetinatě chlupy

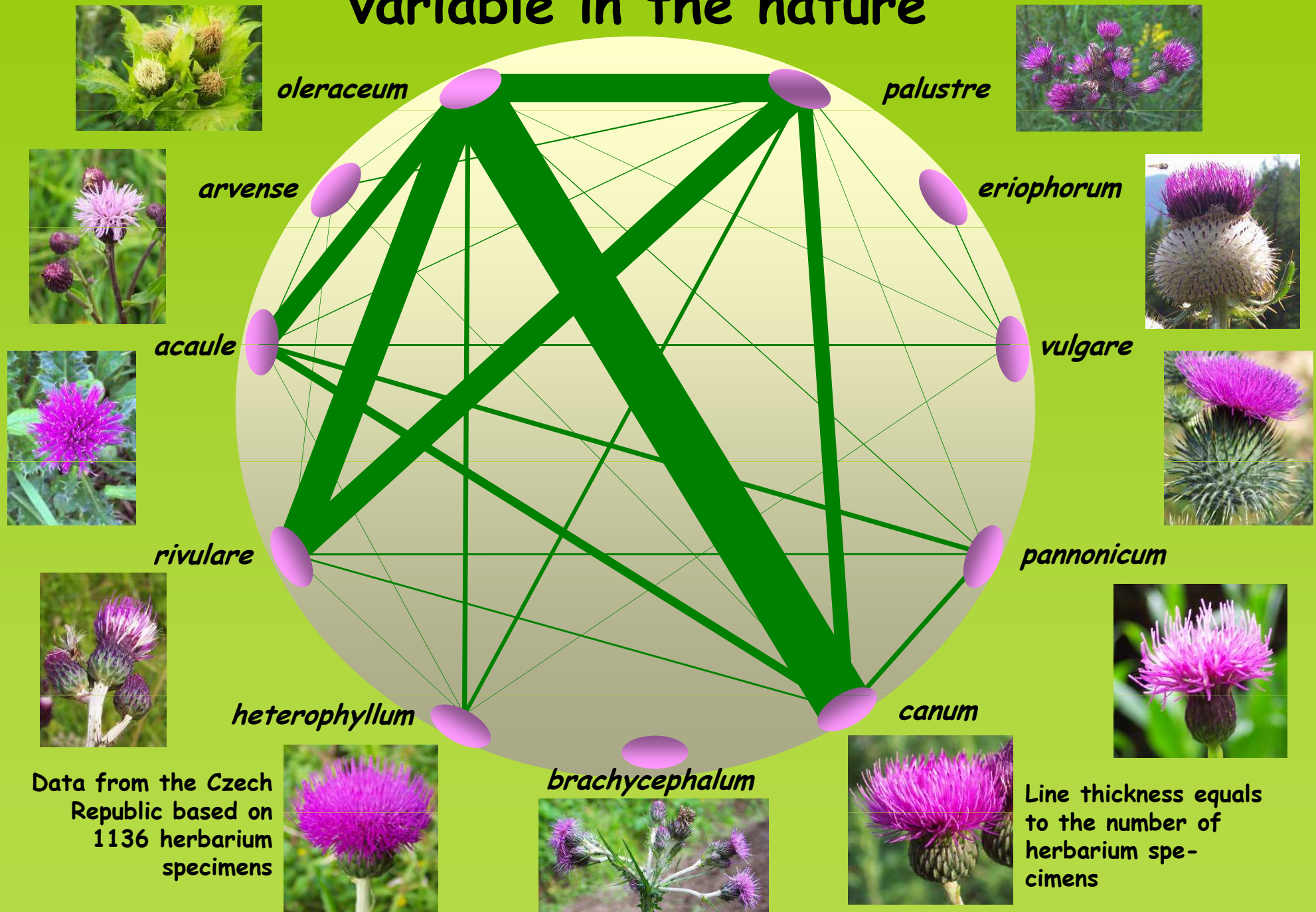
Důsledky hybridizace: concerted evolution nukleárních DNA repeats

The nrDNA repeat

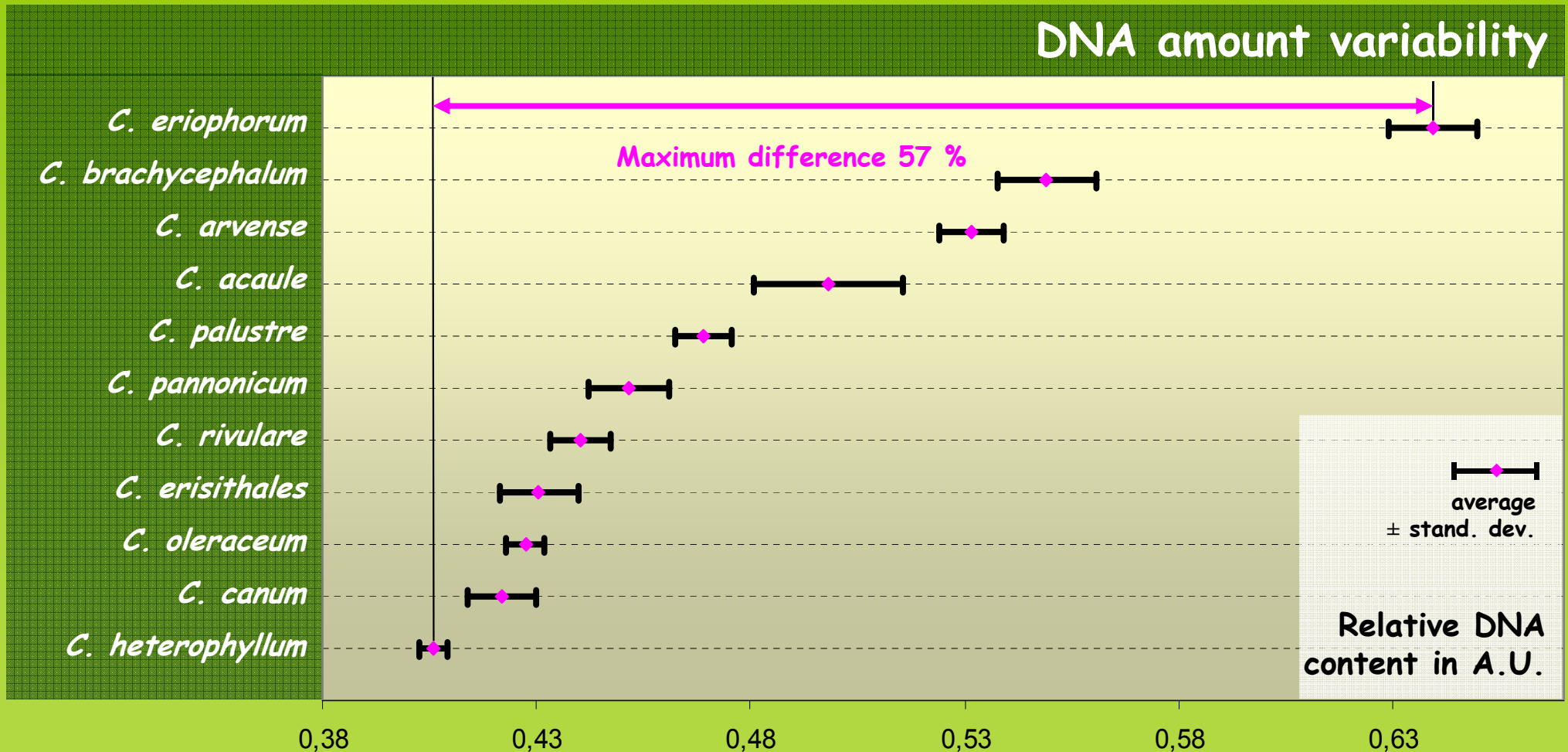


**Důsledky hybridizace: ? zmenšování
genomu**

The frequency of *Cirsium* hybrids is variable in the nature



Nuclear DNA amount differs among species in diploid level



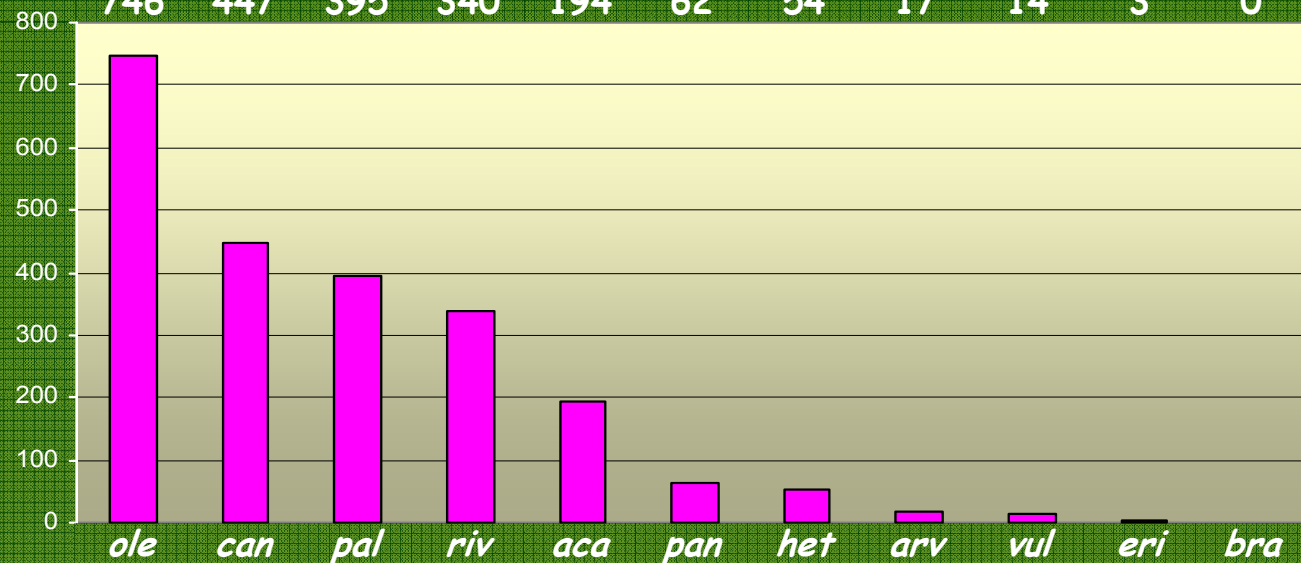
Based on 738 DAPI flow-cytometry measurements of 11 species represented by 66 populations / 220 individuals; internal standard: the same plant of tetraploid *Cirsium vulgare* = 1 A.U. in all measurements

Hybrid promiscuity of species is variable

Number of herbarium specimens of hybrids

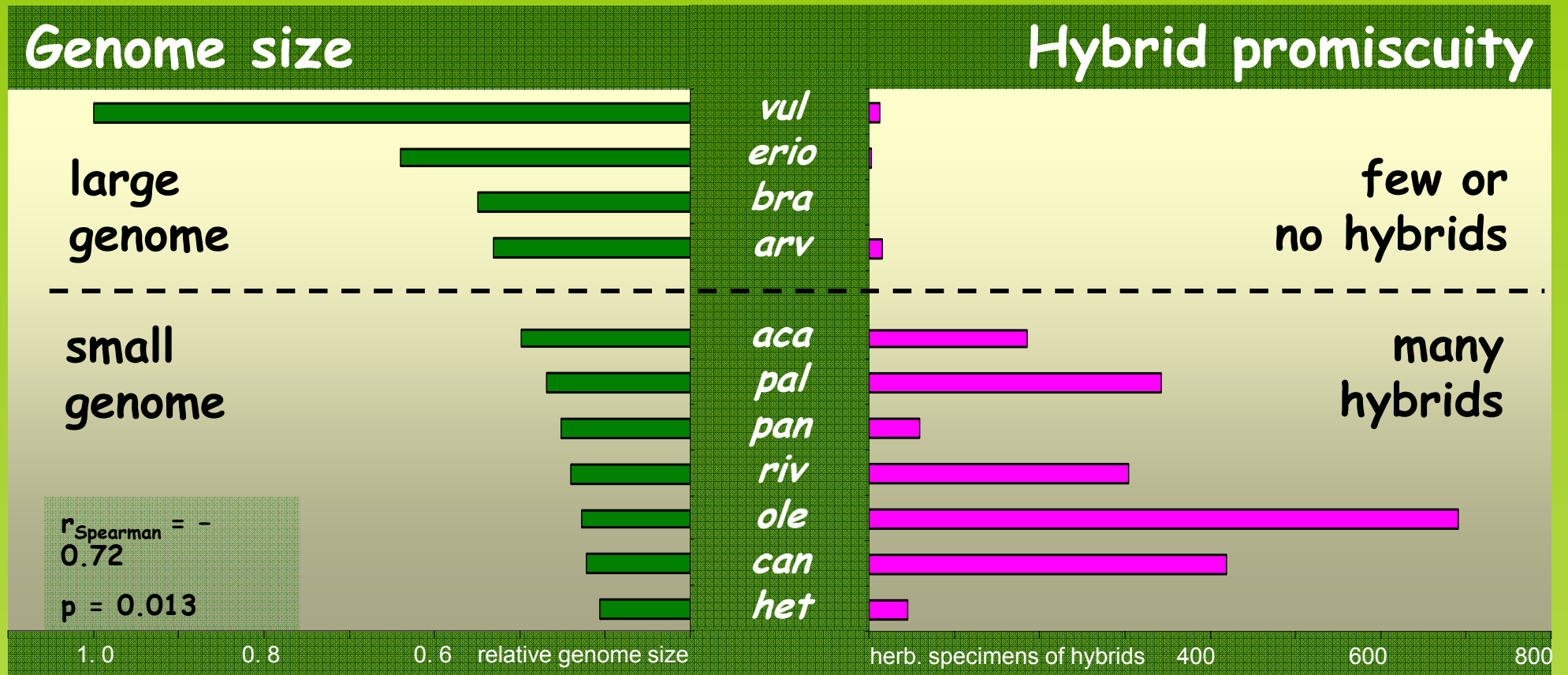
<i>oleleraceum</i> x		290	146	176	102	3	23	5	1	0	0	
<i>canum</i> x	290		78	11	45	21	1	1	0	0	0	
<i>palustre</i> x	146	78		137	4	1	20	6	3	0	0	
<i>rivulare</i> x	176	11	137		1	8	6	1	0	0	0	
<i>acaule</i> x	102	45	4	1		29	3	4	6	0	0	
<i>pannonicum</i> x	3	21	1	8	29		0	0	0	0	0	
<i>heterophyllum</i> x	23	1	20	6	3	0		0	1	0	0	
<i>arvense</i> x	5	1	6	1	4	0	0		0	0	0	
<i>vulgare</i> x	1	0	3	0	6	0	1	0		3	0	
<i>eriophorum</i> x	0	0	0	0	0	0	0	0	3		0	
<i>brachycephalum</i> x	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
SUM		746	447	395	340	194	62	54	17	14	3	0

Hybrid
promiscuity
of *Cirsium*
species



Data from the Czech herbaria based on revision of 1136 herbarium specimens

Genome size vers. hybrid promiscuity: Species with smaller genomes hybridize more frequently



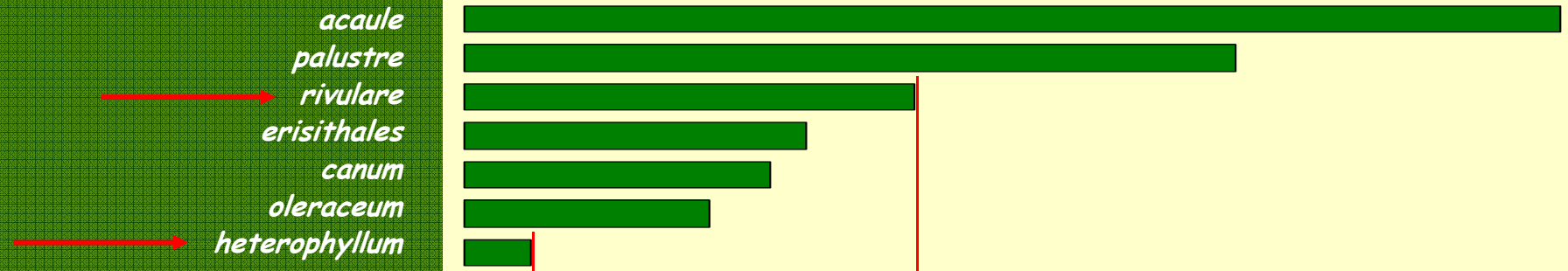
Relative DNA content of *Cirsium* species is negatively correlated with intensity of hybridization.

Based on 738 DAPI flow-cytometry measurements of 11 species represented by 66 populations / 220 individuals; internal standard: the same plant of tetraploid *Cirsium vugare* = 1 A.U. in all measurements

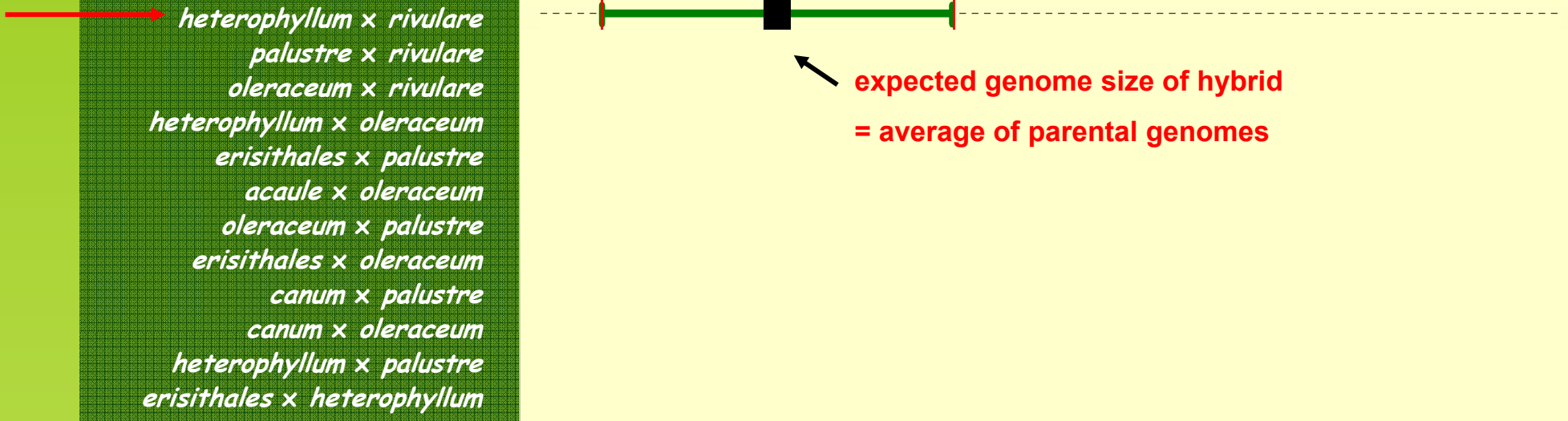
Data from the Czech herbaria based on revision of 1136 herbarium specimens

Do *Cirsium* hybrids have the mid-parent genome size ?

Genome size of parental species



Expected genome size of hybrids

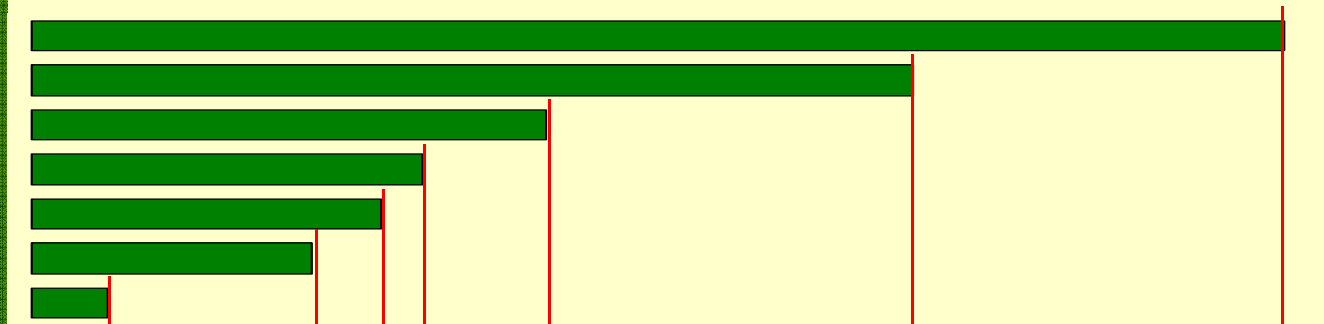


relative genome size 4.0 4.2 4.4 4.6 4.8

Expected genome size of hybrid lies in the middle of parental taxa genomes

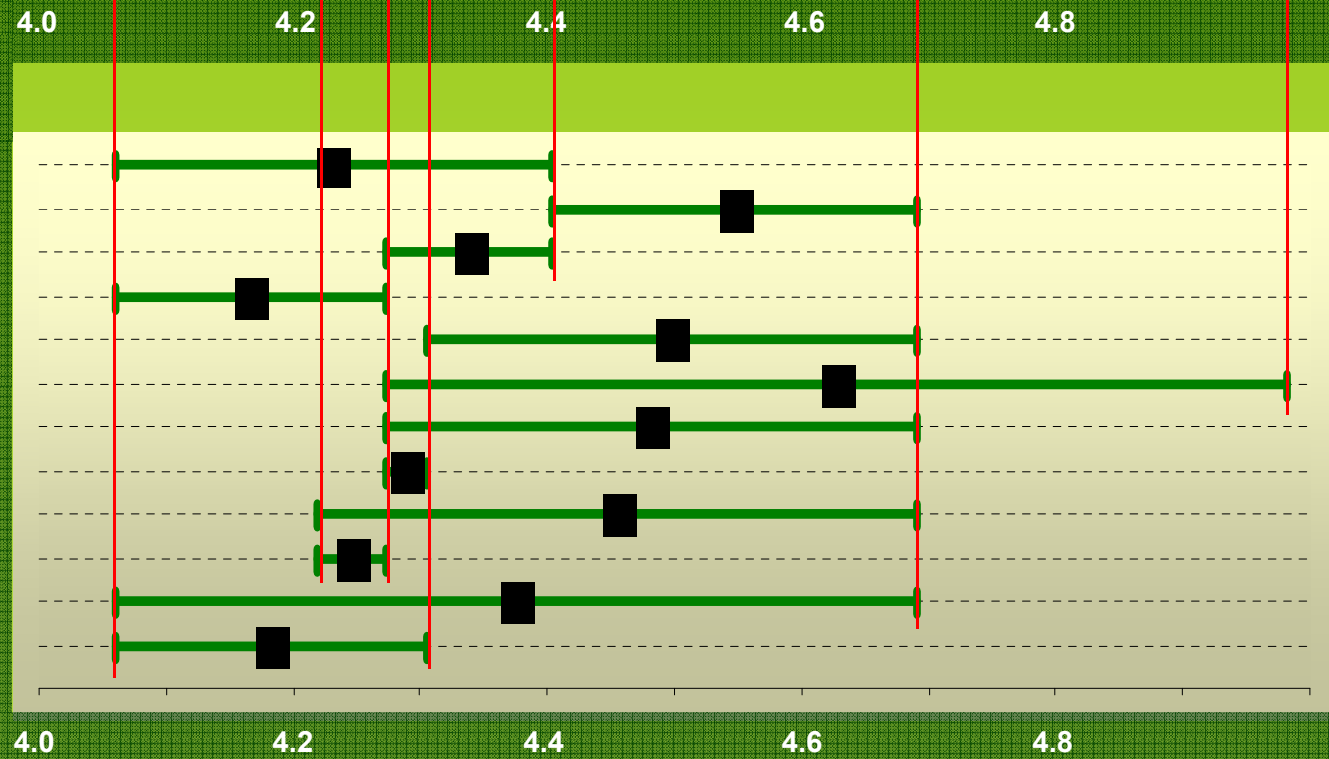
Genome size of parental species

acaule
palustre
rivulare
erisithales
canum
oleraceum
heterophyllum



Expected genome size of hybrids

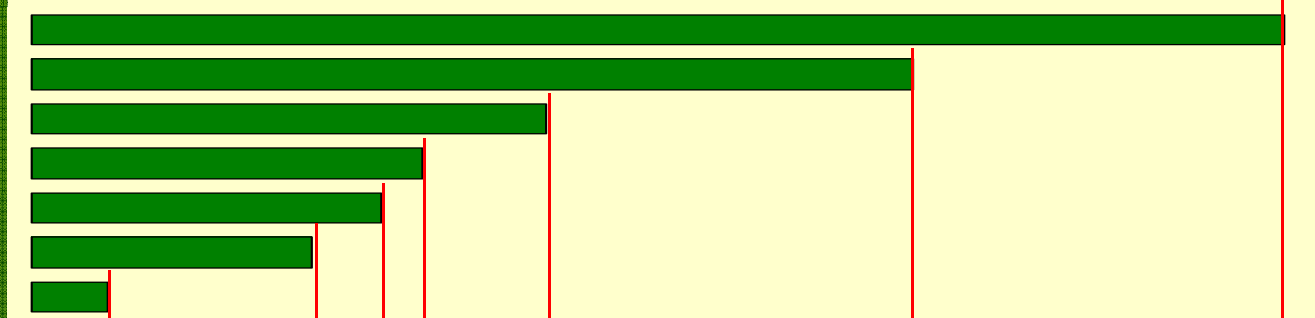
heterophyllum × *rivulare*
palustre × *rivulare*
oleraceum × *rivulare*
heterophyllum × *oleraceum*
erisithales × *palustre*
acaule × *oleraceum*
oleraceum × *palustre*
erisithales × *oleraceum*
canum × *palustre*
canum × *oleraceum*
heterophyllum × *palustre*
erisithales × *heterophyllum*



Genome size of parental species is based on 436 DAPI flow-cytometry measurements of 7 species represented by 43 populations / 163 individuals; internal standard: the same plant of tetraploid *Cirsium vulgare* = 1 A.U. in all measurements

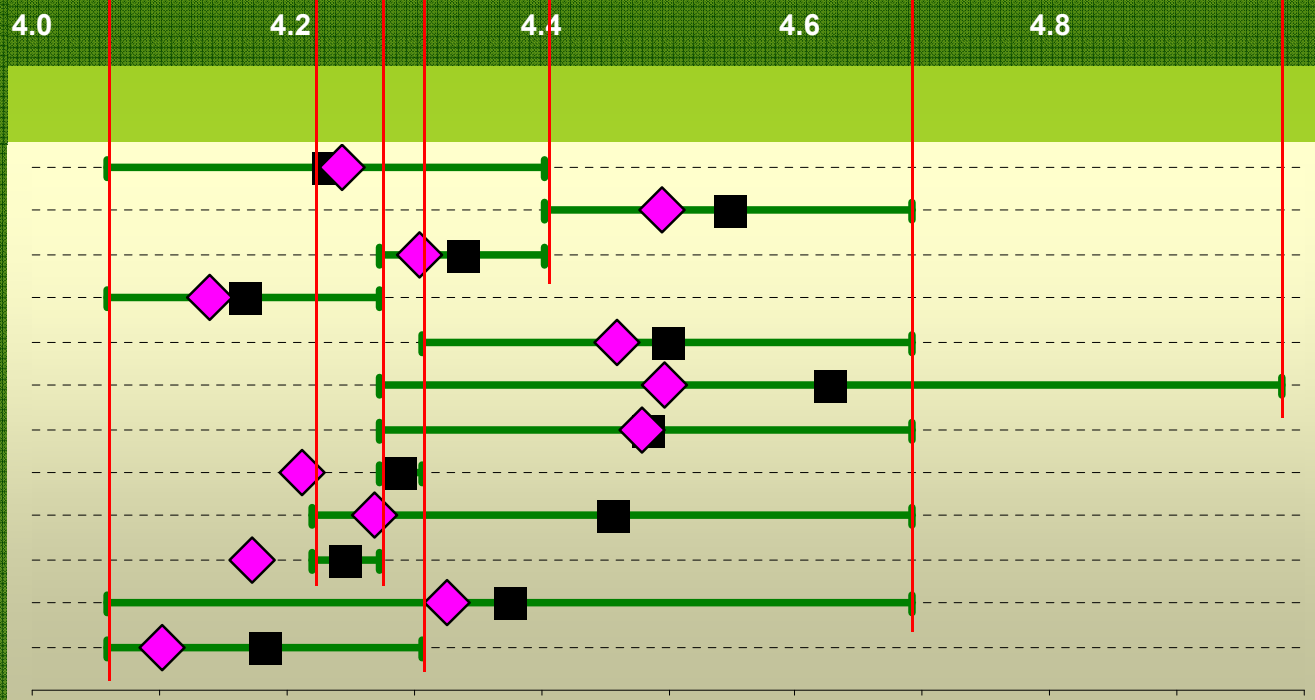
Genome size of parental species

acaule
palustre
rivulare
erisithales
canum
oleraceum
heterophyllum



Expected genome size of hybrids

heterophyllum x *rivulare*
palustre x *rivulare*
oleraceum x *rivulare*
heterophyllum x *oleraceum*
erisithales x *palustre*
acaule x *oleraceum*
oleraceum x *palustre*
erisithales x *oleraceum*
canum x *palustre*
canum x *oleraceum*
heterophyllum x *palustre*
erisithales x *heterophyllum*

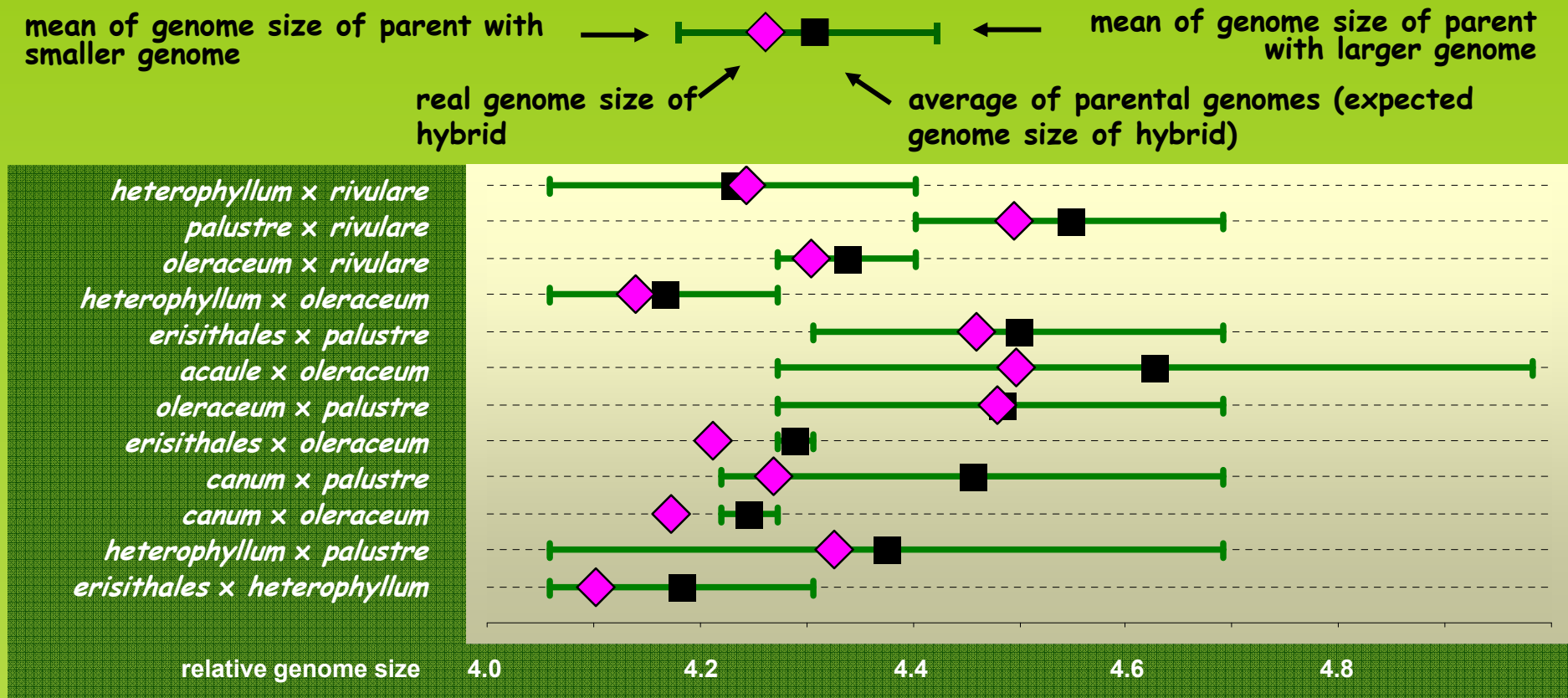


relative genome size

4.0 4.2 4.4 4.6 4.8

◆ = real genome size of hybrid

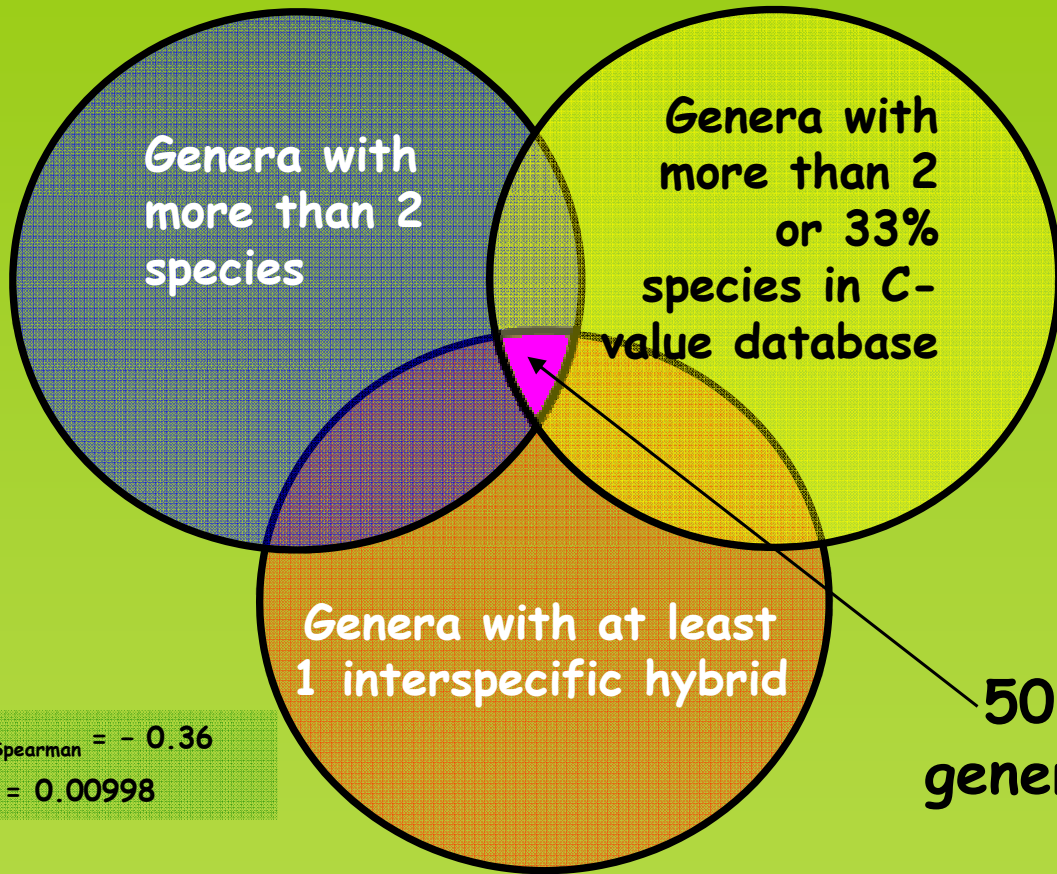
Cirsium hybrids have a smaller genome size than the average of parental genomes



Genome size of hybrids is based on 202 DAPI flow-cytometry measurements of 12 hybrids represented by 24 populations / 53 individuals; internal standard: the same plant of tetraploid *Cirsium vulgare* = 1 A.U. in all measurements

Genome size of parental species is based on 436 DAPI flow-cytometry measurements of 7 species represented by 43 populations / 163 individuals; internal standard: the same plant of tetraploid *Cirsium vulgare* = 1 A.U. in all measurements

Have genera with frequent hybridization smaller genome ?

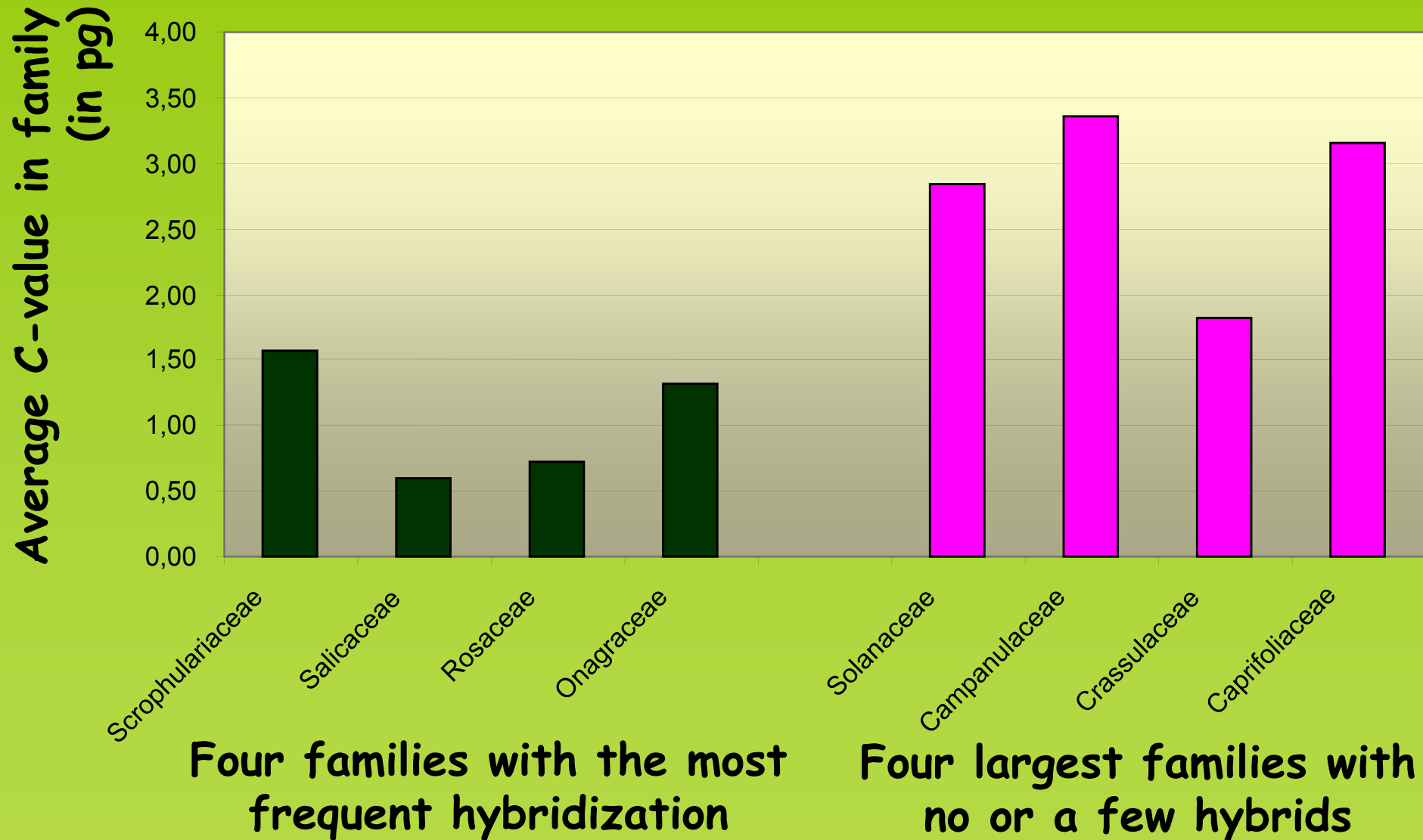


$r_{\text{Spearman}} = -0.36$
 $p = 0.00998$

Hybrid potence of genus = No. hybrids /
 No. species is **negative correlated**
with average genome size of genus

Genus	No. hybr	No. spec	hybr/spec	C-value
<i>Epilobium</i>	46	16	2,875	0,36
<i>Fragaria</i>	3	3	1	0,37
<i>Hypericum</i>	2	8	0,25	0,4
<i>Potentilla</i>	21	23	0,913043	0,4
<i>Carex</i>	35	76	0,460526	0,42
<i>Scirpus</i> s.l.	2	6	0,333333	0,45
<i>Betula</i>	2	10	0,2	0,48
<i>Alnus</i> s.l.	3	4	0,75	0,55
<i>Salix</i>	30	23	1,304348	0,59
<i>Persicaria</i>	10	9	1,111111	0,62
<i>Prunella</i>	3	3	1	0,65
<i>Rorippa</i>	3	4	0,75	0,7
<i>Drosera</i>	1	3	0,333333	0,74
<i>Mentha</i>	8	5	1,6	0,74
<i>Amaranthus</i>	3	19	0,157895	0,78
<i>Atriplex</i>	1	10	0,1	0,81
<i>Juncus</i>	5	21	0,238095	0,86
<i>Quercus</i>	10	10	1	0,88
<i>Thymus</i>	11	8	1,375	1,09
<i>Lamium</i>	1	5	0,2	1,1
<i>Plantago</i>	3	9	0,333333	1,12
<i>Fallopia</i>	1	3	0,333333	1,21
<i>Medicago</i>	1	7	0,142857	1,23
<i>Oenothera</i>	8	20	0,4	1,26
<i>Chenopodium</i>	8	32	0,25	1,27
<i>Leontodon</i>	1	3	0,333333	1,31
<i>Luzula</i>	4	10	0,4	1,32
<i>Galium</i>	1	25	0,04	1,35
<i>Cirsium</i>	33	11	3	1,41
<i>Saxifraga</i>	2	15	0,133333	1,49
<i>Vaccinium</i> s.l.	1	3	0,333333	2,1
<i>Calamagrostis</i>	1	8	0,125	2,2
<i>Silene</i>	1	15	0,066667	2,26
<i>Rumex</i> s.l.	36	19	1,894737	2,31
<i>Melica</i>	1	6	0,166667	2,53
<i>Campanula</i>	2	18	0,111111	2,65
<i>Lolium</i>	1	4	0,25	2,74
<i>Bupleurum</i>	1	5	0,2	2,83
<i>Poa</i>	6	16	0,375	2,94
<i>Xanthium</i>	1	5	0,2	3,15
<i>Papaver</i>	1	10	0,1	3,41
<i>Agrostis</i>	6	7	0,857143	3,62
<i>Glyceria</i>	2	6	0,333333	3,93
<i>Achillea</i>	5	11	0,454545	3,94
<i>Vicia</i>	1	26	0,038462	5,67
<i>Senecio</i>	6	18	0,333333	6,03
<i>Anthemis</i>	2	6	0,333333	6,57
<i>Ranunculus</i> s.l.	8	24	0,333333	6,95
<i>Alopecurus</i>	1	4	0,25	8,91
<i>Euphorbia</i>	6	20	0,3	9,19

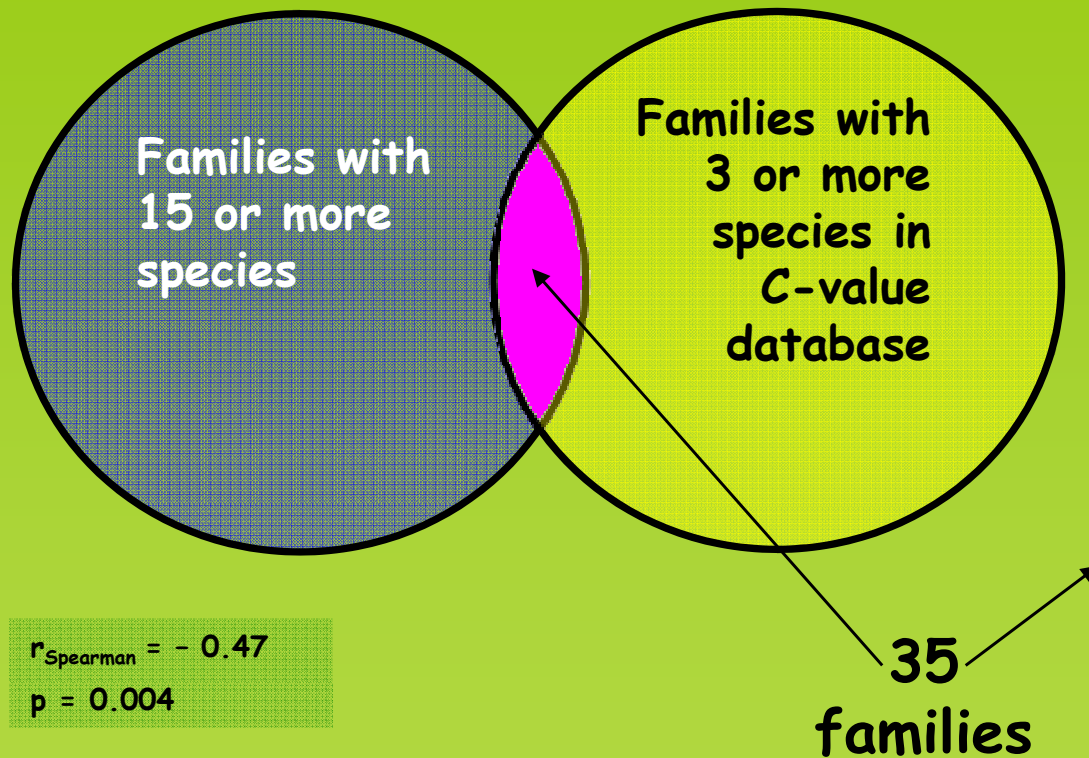
Is genome size in families with frequent hybridization smaller ?



Hybrid frequency and family size (= no. of species) were estimated on the base of data from *Great Britain flora* (Stace CA. 1975. *Hybridization and the flora of the British Isles*. London: Academic Press; Stace CA. 1991 *New flora of the British Isles*. Cambridge: Univ. Press)

Average family C-value is based on *Kew Angiosperm C-value database* (Bennett MD, Leitch IJ. 2004. *Angiosperm DNA C-values database, release 5.0*, Dec. 2004, <http://www.rbgekew.org.uk/cval/homepage.html>)

Have families with frequent hybridization smaller genome ?



Hybrid potence of family = No. hybrids / No. species is **negative correlated** with **average genome size** of family

family	No.spec	No.hybr	hybr/spec	aver(c-val)
Liliaceae	16	0	0	46,39
Iridaceae	16	0	0	6,10
Orobanchaceae	17	0	0	3,01
Alliaceae	26	0	0	19,78
Crassulaceae	27	0	0	1,82
Solanaceae	32	0	0	2,84
Caprifoliaceae	40	0	0	3,16
Apiaceae	90	2	0,022222	2,58
Rubiaceae	34	1	0,029412	1,11
Leguminosae	146	5	0,034247	2,44
Primulaceae	23	1	0,043478	3,95
Hyacinthaceae	18	1	0,055556	13,88
Brassicaceae	142	8	0,056338	0,93
Malvaceae	22	2	0,090909	1,68
Saxifragaceae	20	2	0,1	1,49
Campanulaceae	25	3	0,12	3,36
Poaceae	199	24	0,120603	7,76
Chenopodiaceae	59	8	0,135593	0,89
Amaranthaceae	20	3	0,15	1,38
Caryophyllaceae s.l.	94	15	0,159574	1,70
Rosaceae s.l.	271	45	0,166052	0,72
Asteraceae	558	93	0,166667	4,30
Ranunculaceae	81	14	0,17284	8,77
Scrophulariaceae	105	23	0,219048	1,57
Betulaceae s.l.	20	5	0,25	0,51
Euphorbiaceae	28	7	0,25	4,72
Juncaceae	31	9	0,290323	1,18
Gentianaceae	19	6	0,315789	1,43
Boraginaceae	44	14	0,318182	1,76
Lamiaceae	97	33	0,340206	1,38
Orchidaceae	58	21	0,362069	7,68
Cyperaceae	104	39	0,375	0,58
Salicaceae	32	33	1,03125	0,59
Polygonaceae	43	47	1,093023	1,33
Onagraceae	42	55	1,309524	1,32

Analysis includes 2599 species and 519 interspecific and intergeneric hybrids in 35 largest families of the Czech flora (Kubát K. et al. [eds.] 2001 Identification key to the flora of the Czech Republic. Prague: Academia) and 2447 species of these large families included in Kew Angiosperm C-value database (Bennett MD, Leitch IJ. 2004. Angiosperm DNA C-values database, release 5.0, Dec. 2004, <http://www.rbgbkew.org.uk/cval/homepage.html>)

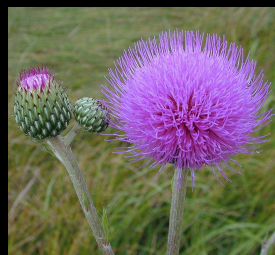
Kromě dvoudomého *Cirsium arvense* mají gynodioecii všechny evropské pcháče u nichž byla reprodukční strategie zkoumána



Cirsium acaule



C. brachycephalum



C. canum



C. carniolicum



C. ciliatum



C. dissectum



C. eriophorum



C. erisithales



C. esculentum



C. ferox



C. furiens



C. heterophyllum



C. montanum



C. monspessulanum



C. oleraceum



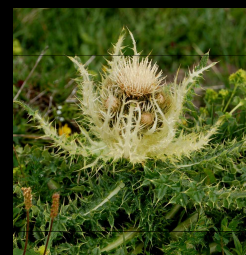
C. palustre



C. pannonicum



C. rivulare



C. spinosissimum



C. tuberosum



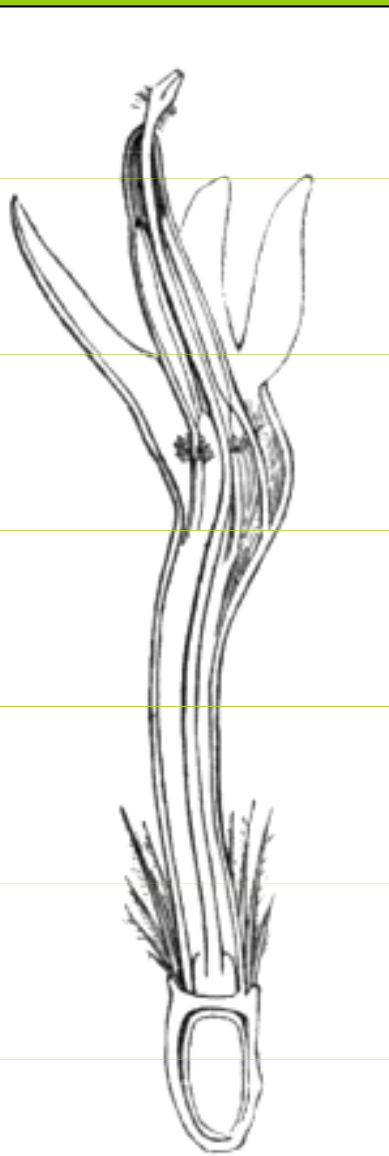
C. vulgare



C. waldsteinii

22 druhů gynodioecických pcháčů v Evropě. Ostatních ca 40 druhů nebylo zatím zkoumáno. V Japonsku 28 gynodioecických pcháčů

Detekce pohlaví pcháčů: Preparací prašnickových trubiček (samice bez pylu)



Cornflower.
Floret cut vertically (mag.),
showing the anther-tube
traversed by the style.



C. oleraceum: hermaphrodite



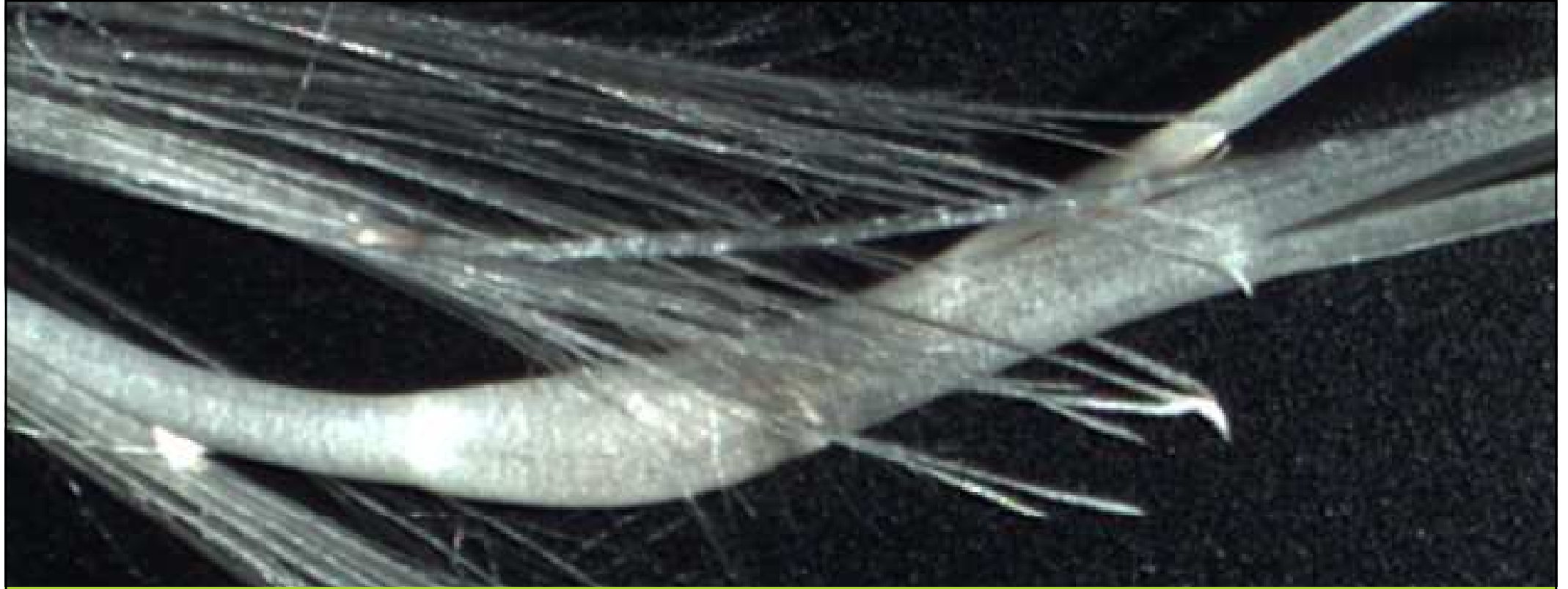
C. canum × *C. oleraceum*: male sterile



C. oleraceum: hermaphrodite florets



C. canum × *C. oleraceum*: female florets





2 mm

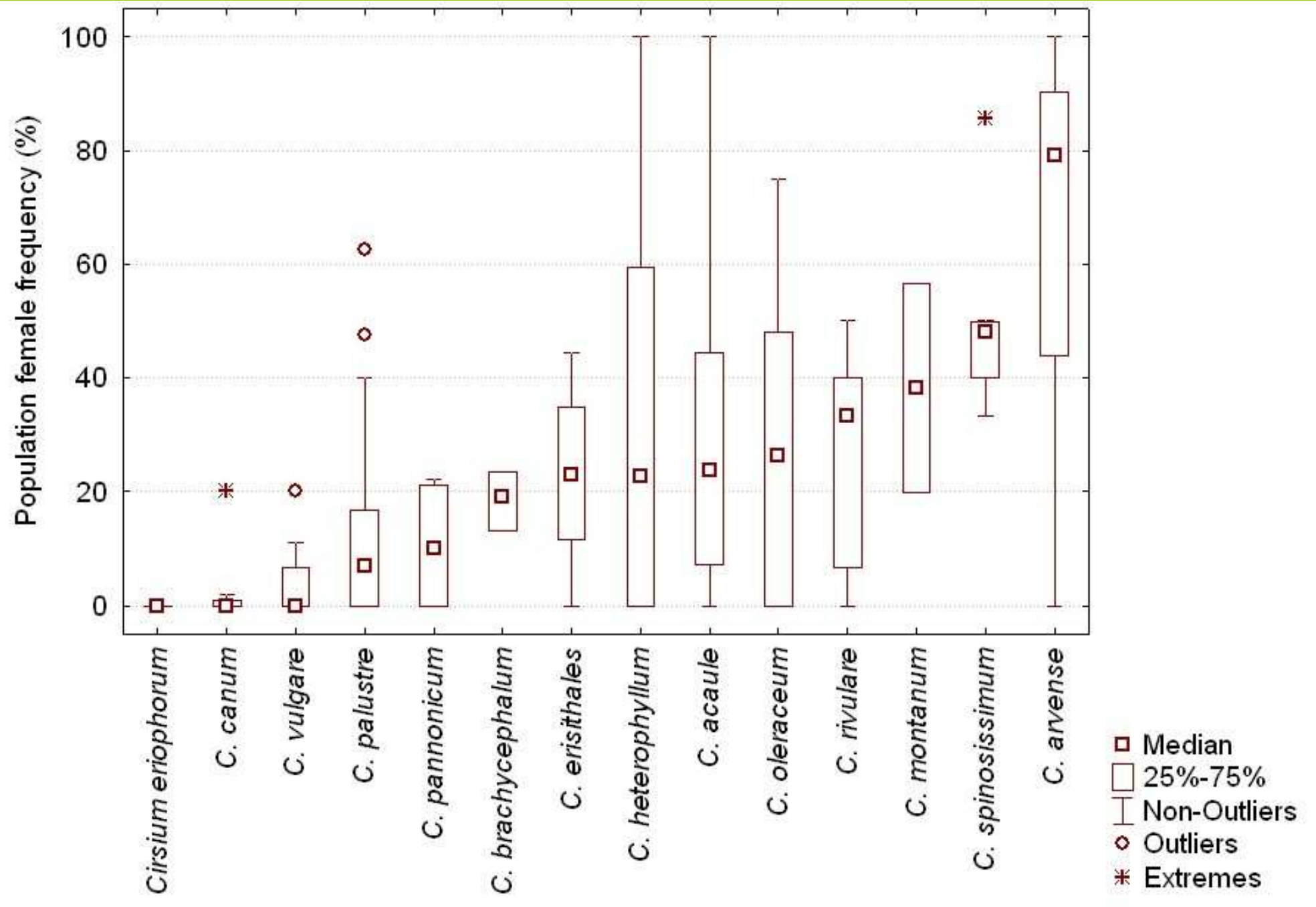


hermafroditi

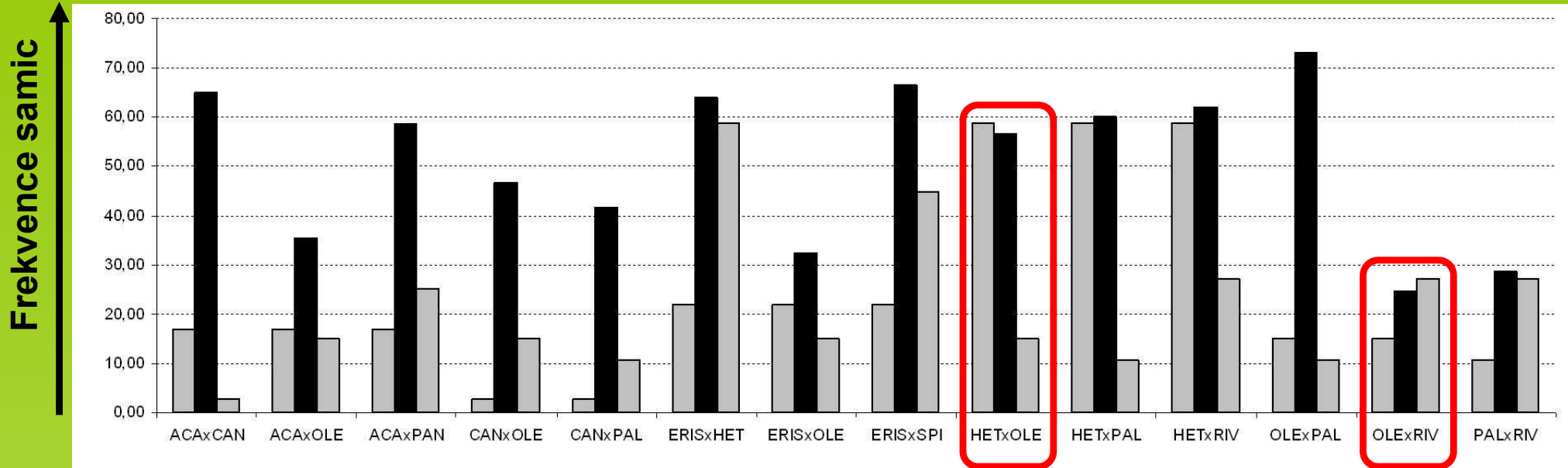
samice

Druhy horské

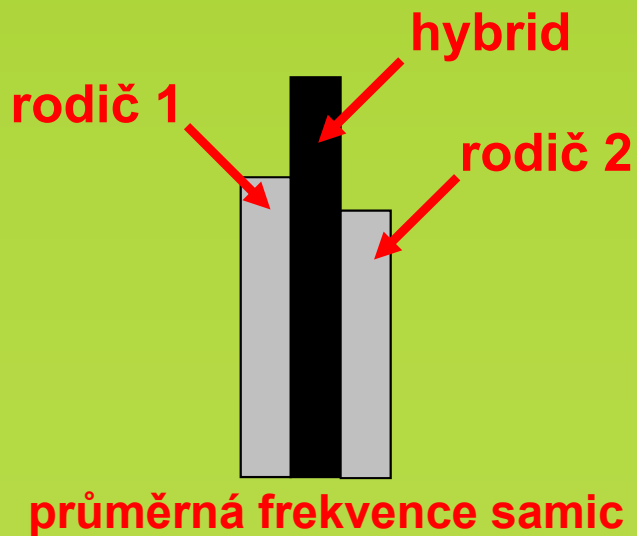
Mají hodně samic ?



Jak je to s frekvencí samic u hybridů?



ACAxCAN = *Cirsium acaule* × *C. canum*; ACAxOLE = *C. acaule* × *C. oleraceum*; ACAxPAN = *C. acaule* × *C. pannonicum*; CANxOLE = *C. canum* × *C. oleraceum*; ERISxHET = *C. erisithales* × *C. heterophyllum*; ERISxOLE = *C. erisithales* × *C. oleraceum*; ERISxSPI = *C. erisithales* × *C. spinosissimum*; HETxOLE = *C. heterophyllum* × *C. oleraceum*; HETxPAL = *C. heterophyllum* × *C. palustre*; HETxRIV = *C. heterophyllum* × *C. rivulare*; OLExPAL = *C. oleraceum* × *C. palustre*; OLExRIV = *C. oleraceum* × *C. rivulare*; PALxRIV = *C. palustre* × *C. rivulare*.



Hybrid má víc samic než je průměr samic u rodičů !



Joseph Gottlieb Koelreuter
(1733-1806)



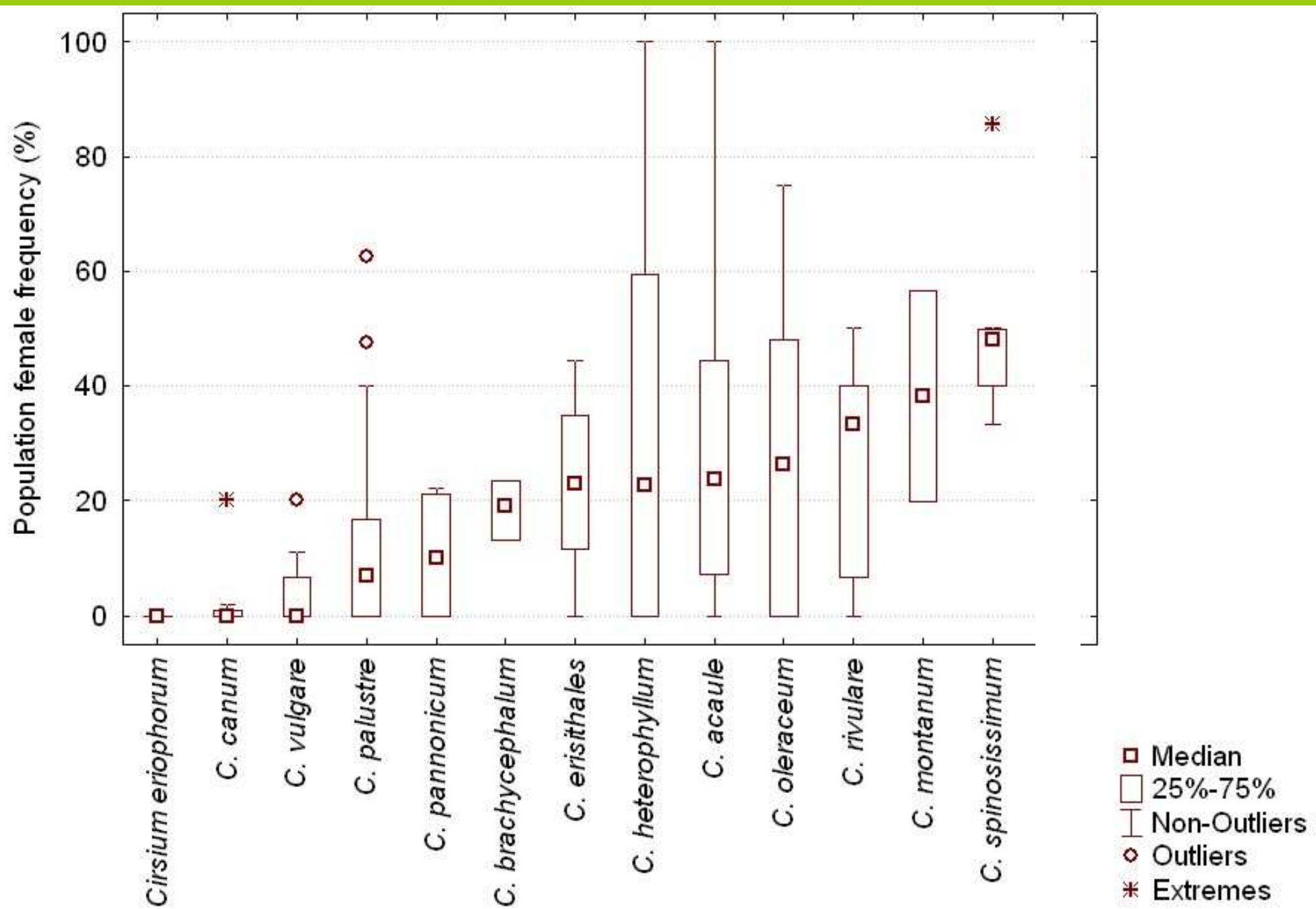
Vorläufige Nachricht
von einigen das
Geschlecht der
Pflanzen
betreffenden
Versuchen und
Beobachtungen

Předběžná zpráva
o některých
pokusech a
pozorováních,
týkajících se
pohlaví rostlin

Umělé mezidruhové křížení vede často k samčí sterilitě !

Druhy málo hybridizující

Mají méně samic ?



Male sterility and gynodioecy in Japanese *Cirsium*

NOBUMITSU KAWAKUBO

Department of Biology, Faculty of Education, Kagoshima University, Kohrimoto, Kagoshima 890, Japan

Souvisí kauzálně hybridizace a gynodioecie ?

Hybridizující druhy mají více samic než nehybridizující !

156

Acta Phytotax. Geobot.

Vol. 46

TABLE 1. Occurrence of male sterility in Japanese *Cirsium*

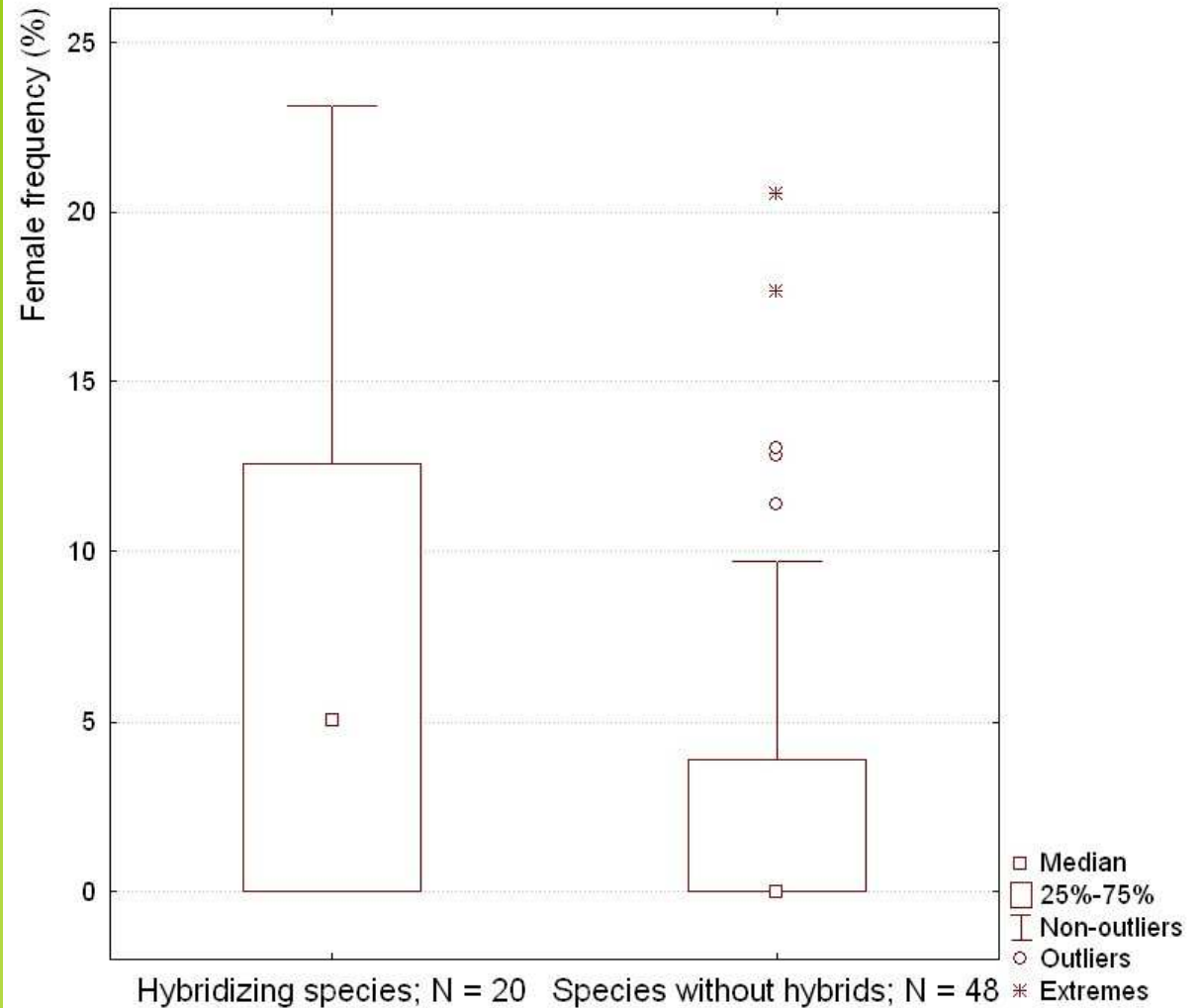
△ Taxa in which male sterility was found.

1* Number of specimens on which male sterility was found.

2* Number of specimens examined.

3* frequency of specimens with male sterility (%).

Taxon	Japanese name (-Azami)	1* / 2*	3*
<i>C. aidzuense</i> Nakai	Aizuhime-	0 / 9	-
<i>C. amplexifolium</i> Kitam.	Dakibahime-	0 / 59	-
var. <i>muraii</i> Kitam.	Kinka-	0 / 4	-
<i>C. babanum</i> Koidz.	Dainichi-	0 / 3	-
var. <i>otayae</i> Kitam.	Tateyama-	0 / 27	-
<i>C. bichuense</i> Nakai	Bicchu-	0 / 47	-
<i>C. boninense</i> Koidz.	Ogasawara-	0 / 3	-
△ <i>C. borealinipponense</i> Kitam.	Oni-, Onino-	4 / 73	5.5
<i>C. brevicaulis</i> A.Gray	Shima-	0 / 26	-
var. <i>irumtense</i> Kitam.	Iriomote-	0 / 18	-
△ <i>C. buergeri</i> Miq.	Hime-, Himeyama-	20 / 145	13.8
△ <i>C. chikushiense</i> Koidz.	Noma-	3 / 23	13.0
<i>C. chokaiense</i> Kitam.	Choukai-	0 / 18	-
<i>C. confertissimum</i> Nakai	Koibuki-	0 / 12	-
△ var. <i>herbicola</i> Nakai	Ibuki-	5 / 27	18.5
△ <i>C. congestissimum</i> Kitam.	Hittuki-	3 / 23	13.0
<i>C. connexum</i> Kitam.	Kasugai-	0 / 2	-
<i>C. diabolicum</i> Kitam.	Onioono-	0 / 18	-
<i>C. dipsacolepis</i> Matsum.	Mori-, Yabu-	0 / 117	-
△ <i>C. effusum</i> Matsum.	Hosoen-	4 / 57	7.0
△ <i>C. furusei</i> Kitam.	Urajirokagano-	2 / 14	14.3
<i>C. ganjuense</i> Kitam.	Ganju-	0 / 11	-
<i>C. gratosum</i> Kitam.	Houki-	0 / 21	-
<i>C. grayanum</i> Nakai	Marubahireno-	0 / 14	-
<i>C. gyojanum</i> Kitam.	Gyouja-	0 / 40	-
<i>C. hachijoense</i> Nakai	Hachijou-	0 / 10	-
<i>C. hanamakiense</i> Kitam.	Hnamaki-	0 / 44	-
△ <i>C. heitanum</i> Koidz.	Ezoyama-, Touno-	3 / 46	6.5
△ <i>C. hidaense</i> Kitam.	Hida-	4 / 23	17.4
<i>C. hida-paldosum</i> Kadota et Nagase	Hidakiseru-	0 / 3	-
<i>C. hilgendorfin</i> Makino		0 / 3	-
<i>C. hosakawai</i> Kitam.		0 / 2	-
<i>C. iburiense</i> Kitam.		0 / 1	-
<i>C. inconptum</i> Nakai		0 / 8	-
<i>C. indefensum</i> Kitam.	Togenashi-	0 / 18	-
<i>C. inundatum</i> Makino	Tachi-	0 / 56	-
△ ssp. <i>alpicola</i> Kitam.	Mine-	5 / 39	12.8
ssp. <i>homolepis</i> Kitam.	Ozenuma-	0 / 2	-
△ <i>C. japonicum</i> DC.	No-	7 / 295	2.4
var. <i>horridum</i> Nakai	Toge-	4 / 20	20.0
var. <i>ibukiense</i>	Miyamako-	0 / 4	-
var. <i>okiense</i> H.Koyama et Murata	Okino-	0 / 7	-
var. <i>vestitum</i>	Keshou-	0 / 28	-
△ <i>C. kagamontanum</i> Nakai	Kagano-	16 / 141	11.3

Mann-Whitney; $p = 0.017$

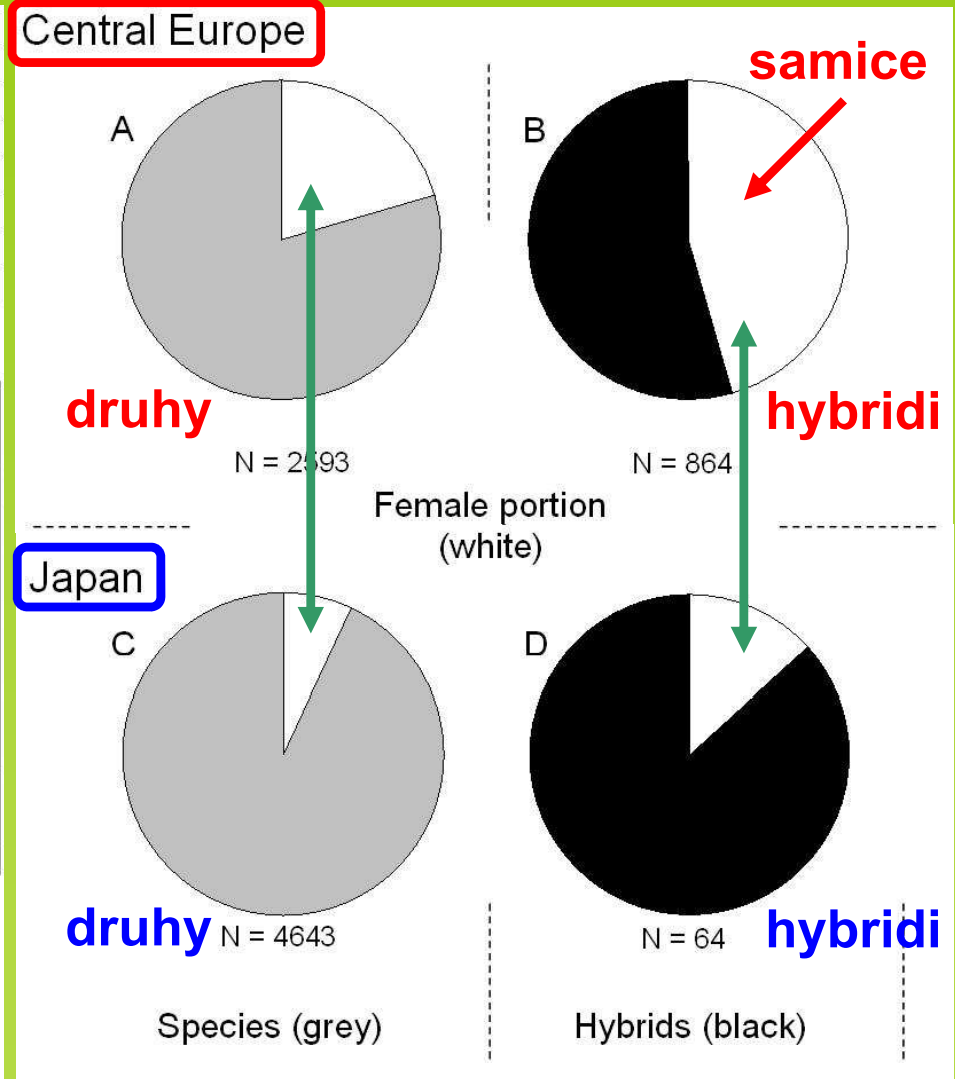
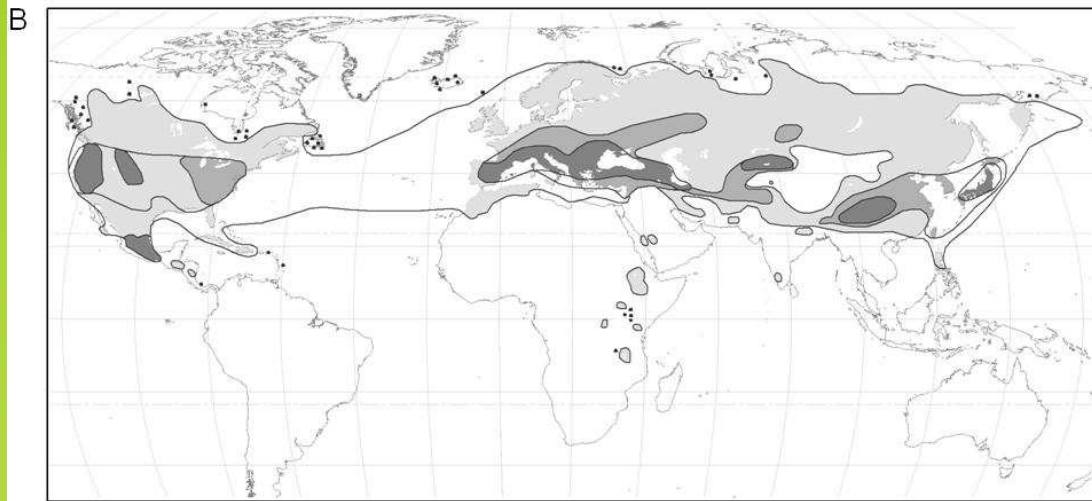
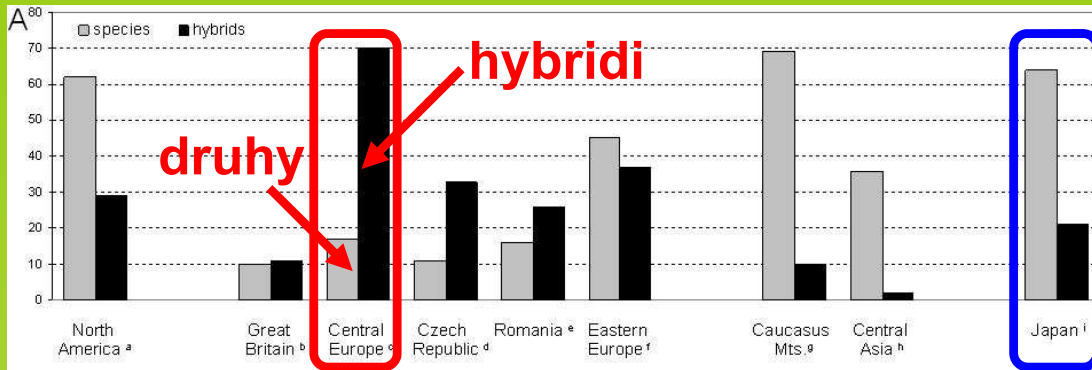
Male sterility and gynodioecy in Japanese *Cirsium*

NOBUMITSU KAWAKUBO

Department of Biology, Faculty of Education, Kagoshima University, Kohrimoto, Kagoshima 890, Japan

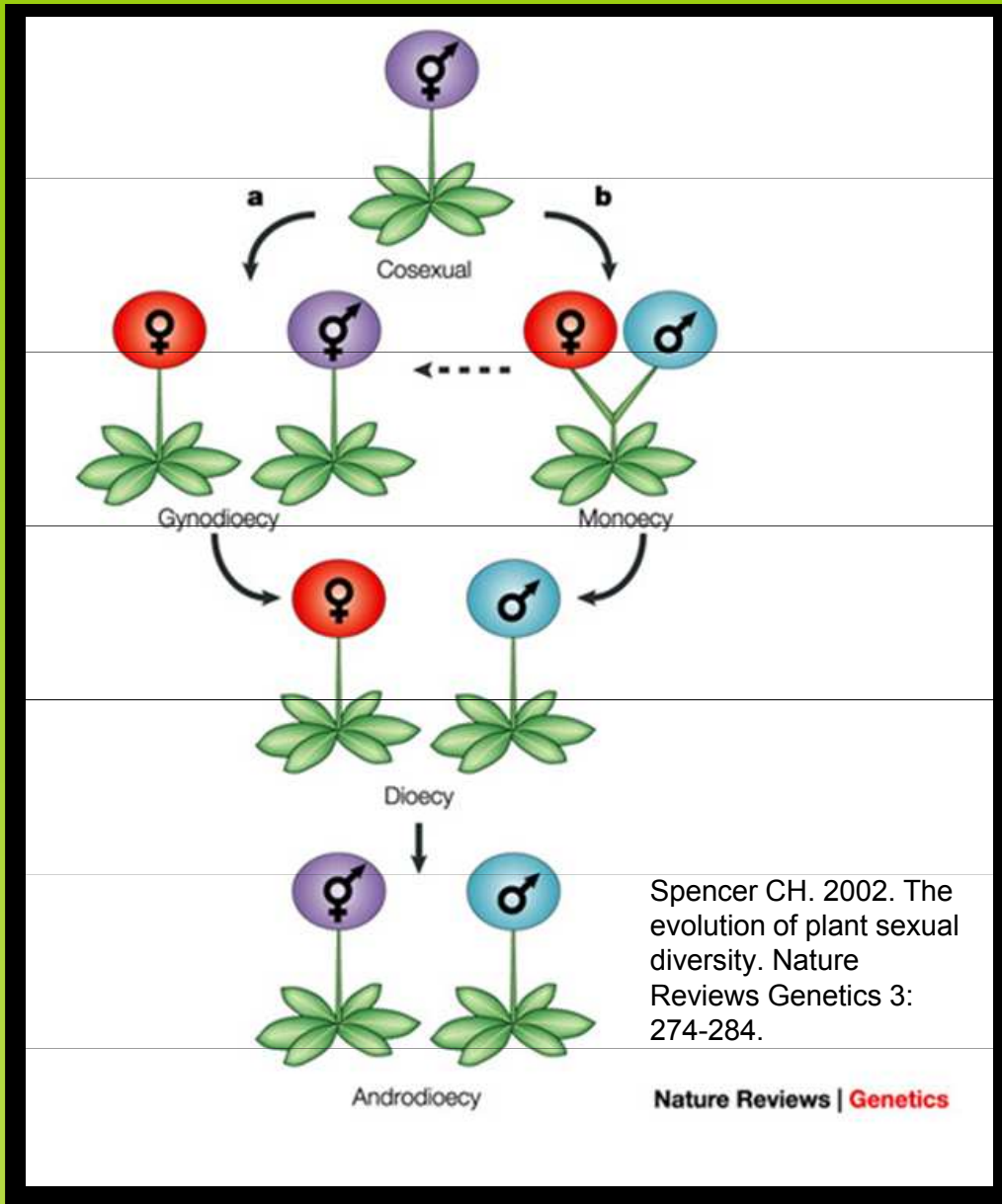
Souvisí kauzálně hybridizace a gynodioecie ?

Hybridizující druhy mají více samic než nehybridizující !

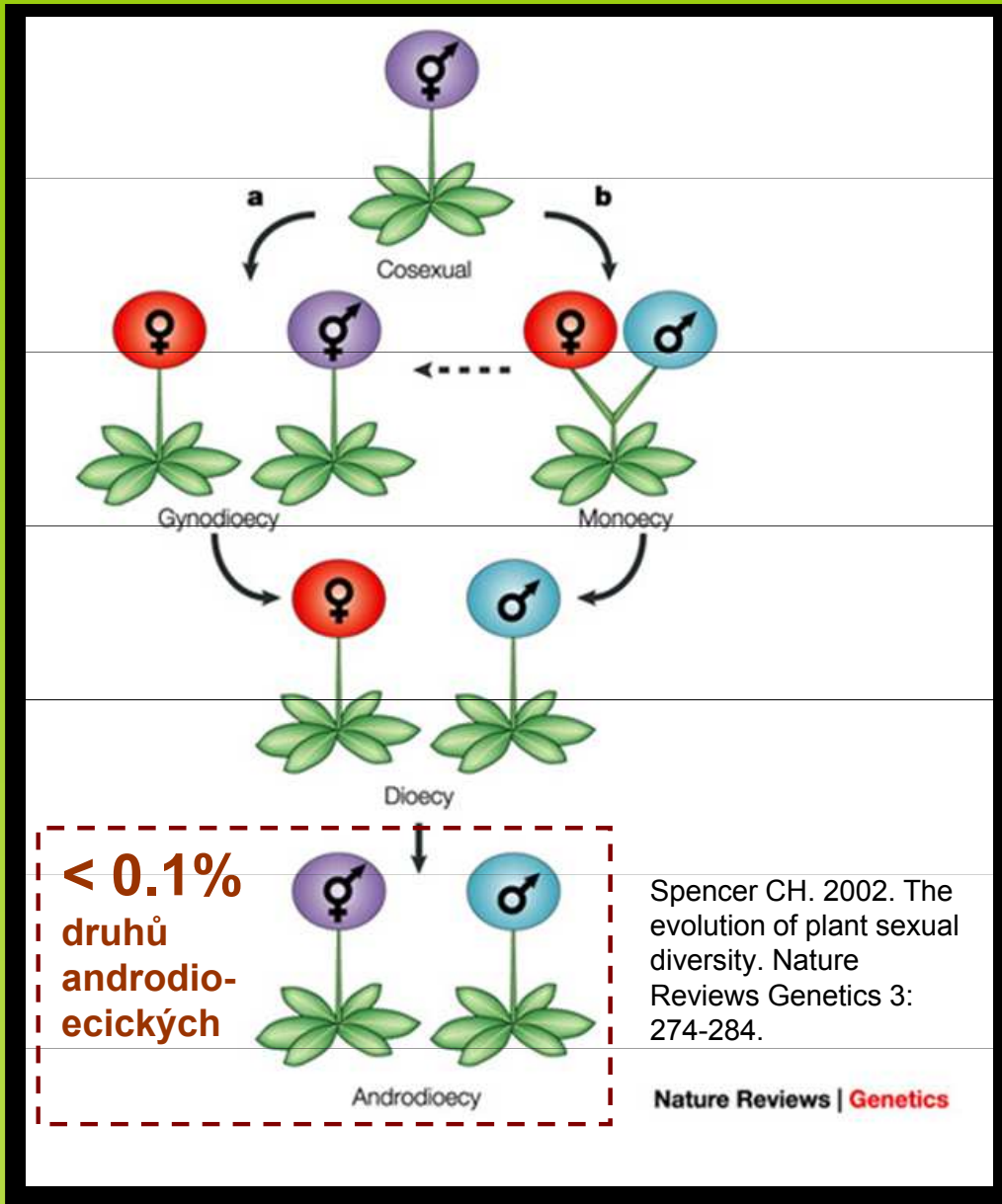


^aKeil (2006). ^bStace (1997). ^cWagenitz (1987). ^dBureš (2004). ^eNyárady (1964). ^fBureš (in press: Slovakia); Cherepanov (1995: European part of the former USSR); Nyárady (1964: Romania); Werner (1976: Albania, Bulgaria, Romania, Greece). ^gCherepanov (1995: the Caucasian territory of the former USSR). ^hCherepanov (1995: the Central Asian territory of the former USSR); Petrak (1979: Iran and adjacent territories). ⁱKadota (1995).

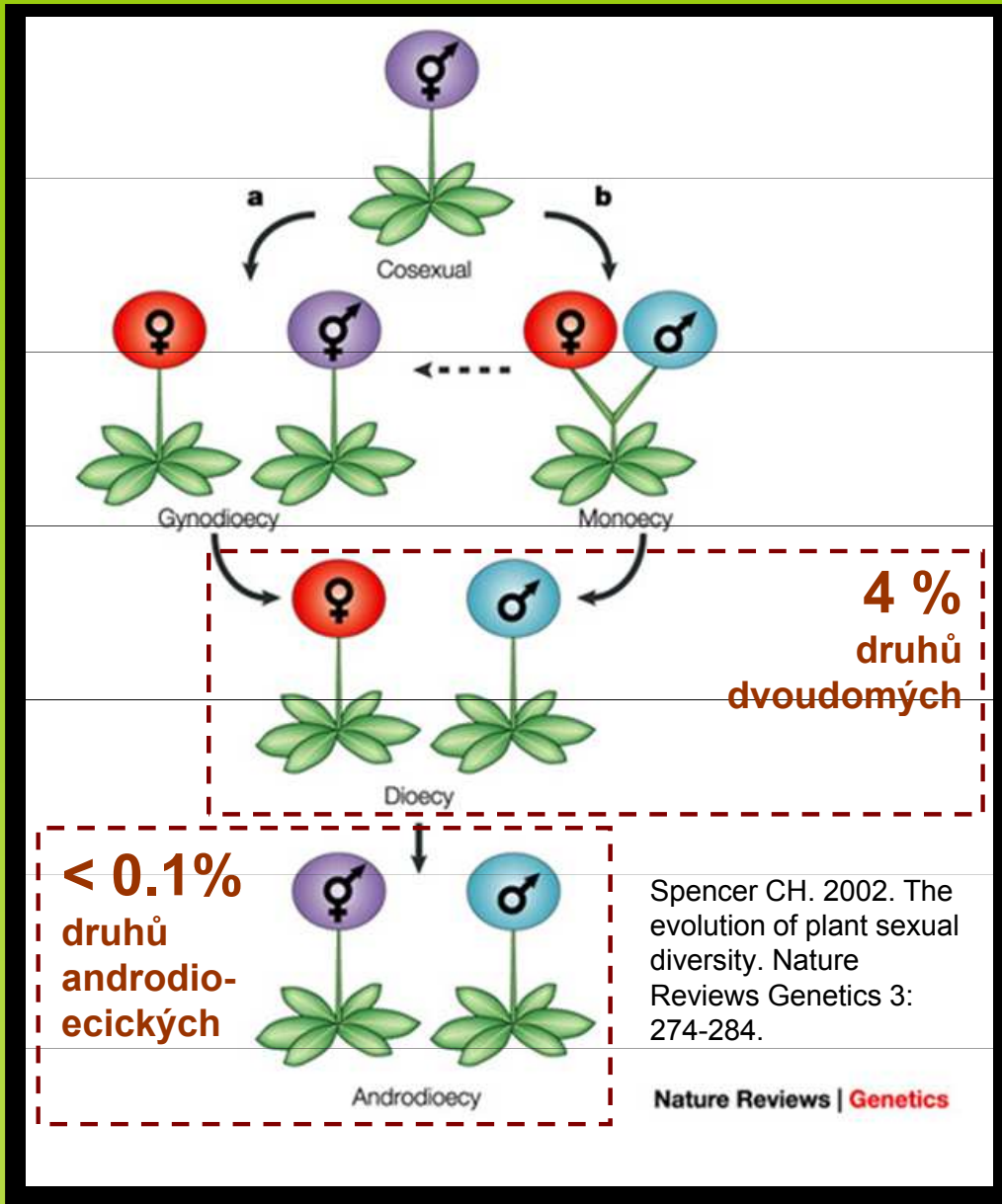
Jaká je frekvence jednotlivých reprodukčních strategií ?



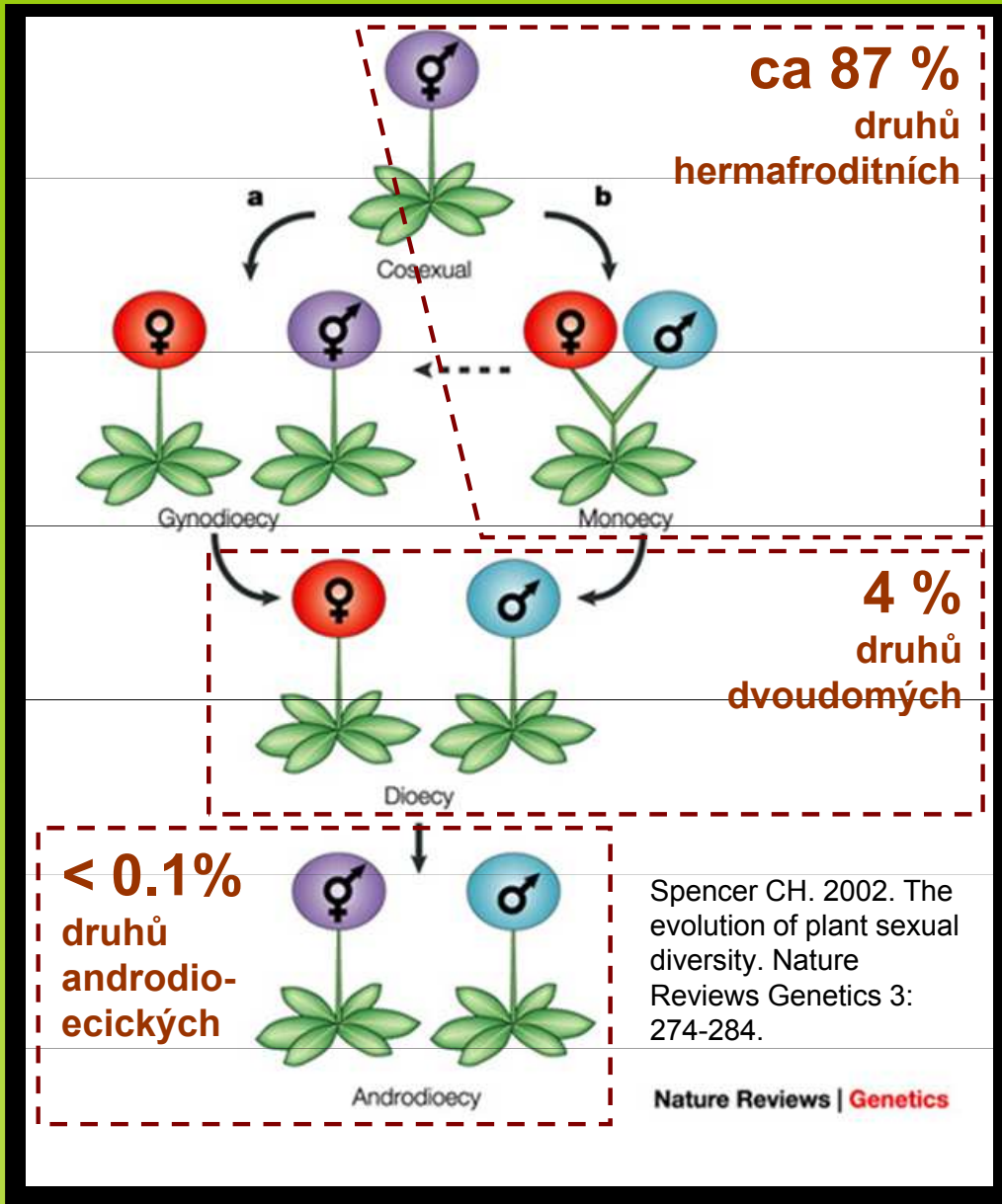
Jaká je frekvence jednotlivých reprodukčních strategií ?



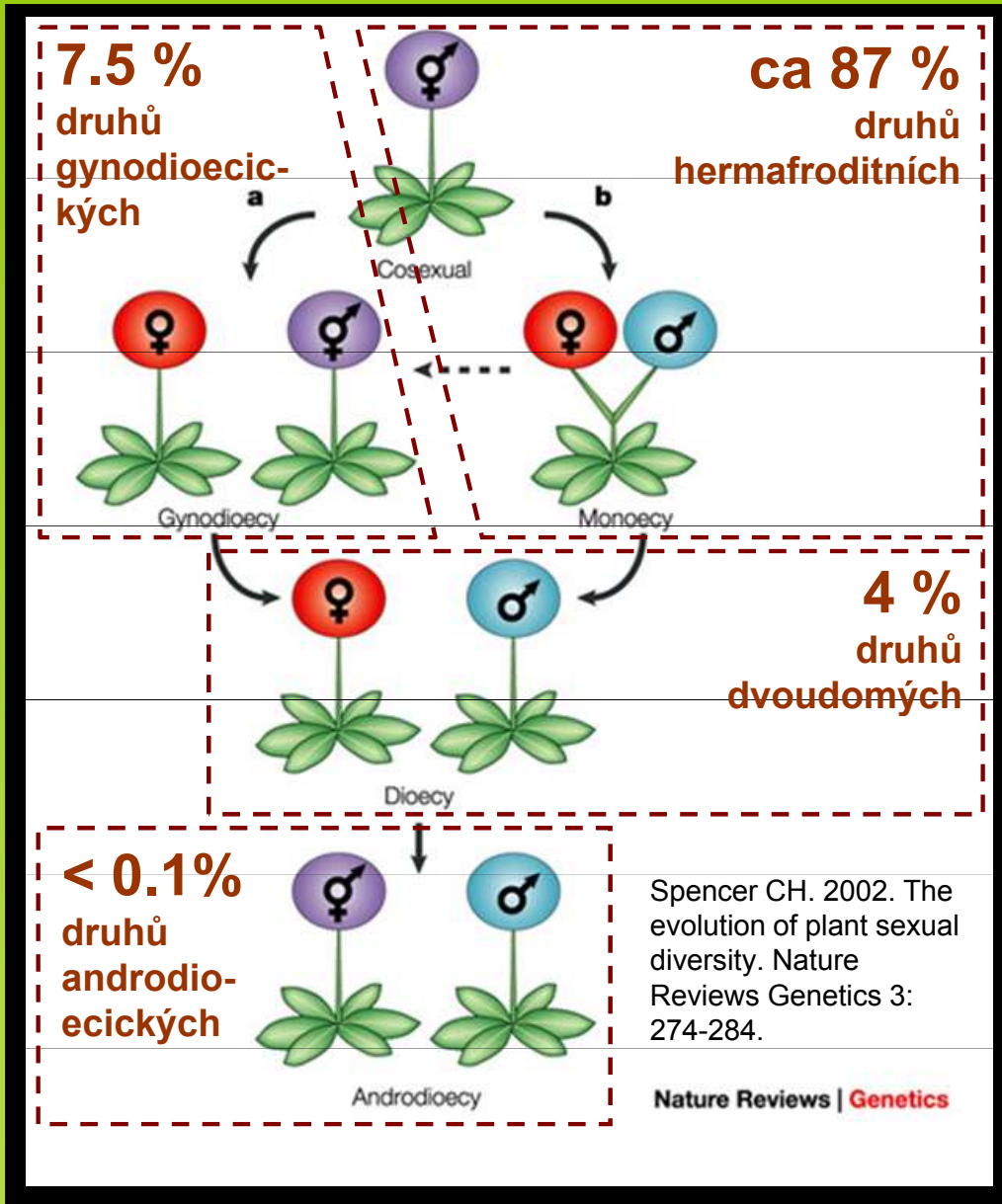
Jaká je frekvence jednotlivých reprodukčních strategií ?



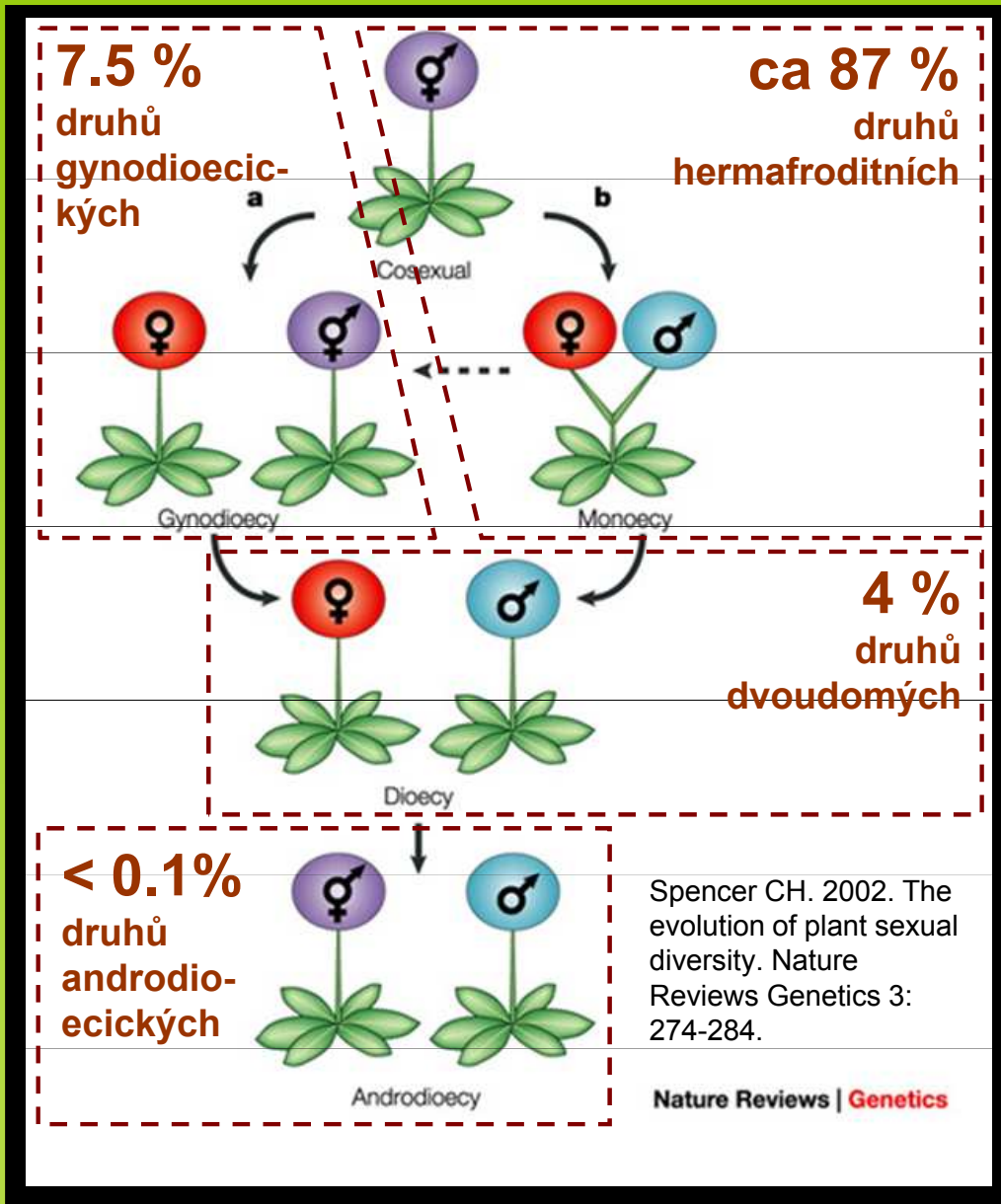
Jaká je frekvence jednotlivých reprodukčních strategií ?



Jaká je frekvence jednotlivých reprodukčních strategií ?



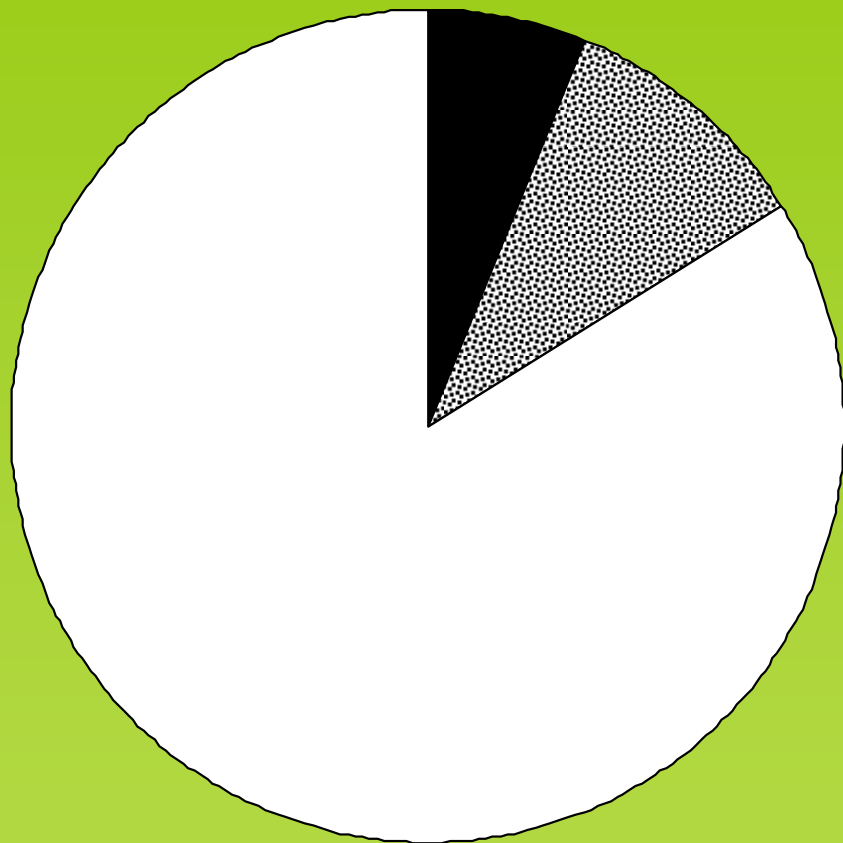
Jaká je frekvence jednotlivých reprodukčních strategií ?



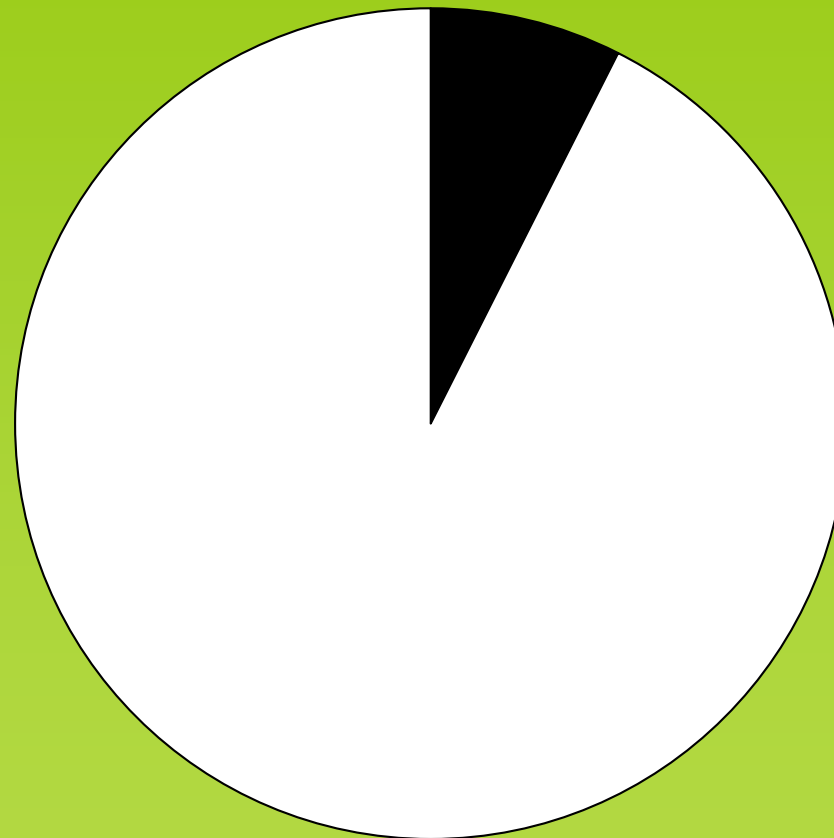
Hodnoty platí pro Evropu v tropických deštných lesích stoupá podíl dvoudomých dřevin a klesá podíl gynodioecických druhů

Spontánní hybridizace a gynodioecie napříč rostlinami

6-16 % rodů s hybridy



7.5 % gynodioecických druhů
(6% rodů)



Kauzální souvislost ?

Rody s největším počtem hybridů na počet druhů (u nás):

Verbascum ✓ (27 hybridů / 9 druhů)

Cirsium ✓ (33 hybridů / 11 druhů)

Epilobium s.l. ✓ (46 hybridů / 18 druhů)

Mentha ✓ (8 hybridů / 5 druhů)

Arctium (6 hybridů / 4 druhy)

Thymus ✓ (11 hybridů / 8 druhů)

Crataegus (11 hybridů / 8 druhů)

Dactylorhiza (11 hybridů / 8 druhů)

Rumex ✓ (27 hybridů / 20 druhů)

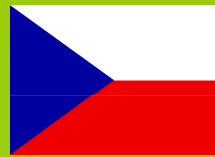
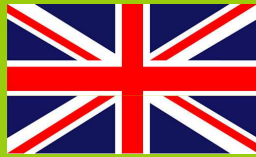
Salix ✓ (35 hybridů / 27 druhů)

Viola ✓ (29 hybridů / 23 druhů)

Carduus ✓ (5 hybridů / 4 druhy)



Demyanova E. I.: *Distribution of gynodioecy in flowering plants*. Bot. Zh. 70: 1289-1301, 1985.



Taxonomické pojetí bylo sjednoceno na rodové, druhové či poddruhové úrovni napříč všemi 3 lokálními flórami = 856 rodů

Microsoft Excel - Bures_SupplementaryFile1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	Genus	Great Britain			Czech Republic			Germany			Europe		Delannay	Demyanova	Del + Dem	
2		Stace 1997			Slavík et al. 1988-2004/Kubát 2002			Rothmaler 2002			Great Britain, Czech Republic, Germany		1978	1985		
231	Meconopsis	0	1	b			cZ			ge	1,00	a	0	0	0	
232	Papaver	1	7	0,14	1	10	0,10	1	4	0,25	7,00	0,16	0	0	0	
233	Pseudofumaria	0	2	0,00	0	1	c	0	2	0,00	1,67	0,00	0	0	0	
234	Aconitum	1	2	0,50	3	5	0,60	5	6	0,83	4,33	0,64	0	0	0	
235	Actaea	0	1	b	0	1	c	0	1	g	1,00	a	0	0	0	
236	Adonis	0	1	b	0	4	0,00	0	4	0,00	3,00	0,00	0	0	0	
237	Anemone s.l.	0	3	0,00	1	4	0,25	1	4	0,25	3,67	0,17	0	0	0	
238	Aquilegia	0	2	0,00	0	2	0,00	0	2	0,00	2,33	0,00	0	0	0	
		0	1	c	0	1	c	0	1	g	1,00	a	0	0	0	
		0	1	c	0	2	0,00	0	2	0,00	1,50	0,00	0	0	0	
		0	1	c	0	1	c	0	2	0,00	1,00	a	0	0	0	
		0	5	0,00	1	4	0,25	1	4	0,25	4,67	0,08	0	0	0	
		0	3	0,00	0	3	0,00	0	3	0,00	2,33	0,00	0	0	0	
		0	1	c	0	1	c	0	1	g	1,00	a	0	0	0	
		0	1	c	0	1	c	0	1	g	1,00	a	0	0	0	
		0	4	0,00	0	3	0,00	0	3	0,00	3,33	0,00	0	0	0	
		0	1	c	0	1	c	0	1	g	1,00	a	0	0	0	
		0	1	c			ge			ge	1,00	a	0	0	0	
		0	1	c	0	1	c	0	1	g	1,00	a	0	0	0	
		0	2	0,00	0	2	0,00	0	2	0,00	1,67	0,00	0	0	0	
		3	5	0,60	4	7	0,57	4	7	0,57	4,33	0,59	0	0	0	
		8	26	0,31	12	63	0,14	45,33	0,32	1	1	1	1	1	1	
		0	0	0,00	0	0	0,00	5,07	0,00	0	0	0	0	0	0	
		0	1	c	0	1	c	0	1	g	1,00	a	0	0	0	
		0	1	c	0	1	c	0	1	g	1,00	a	0	0	0	

Často pěstované nepůvodní druhy nebyly vyřazeny

Přechodně zavlékané vzácné druhy nebyly brány v úvahu

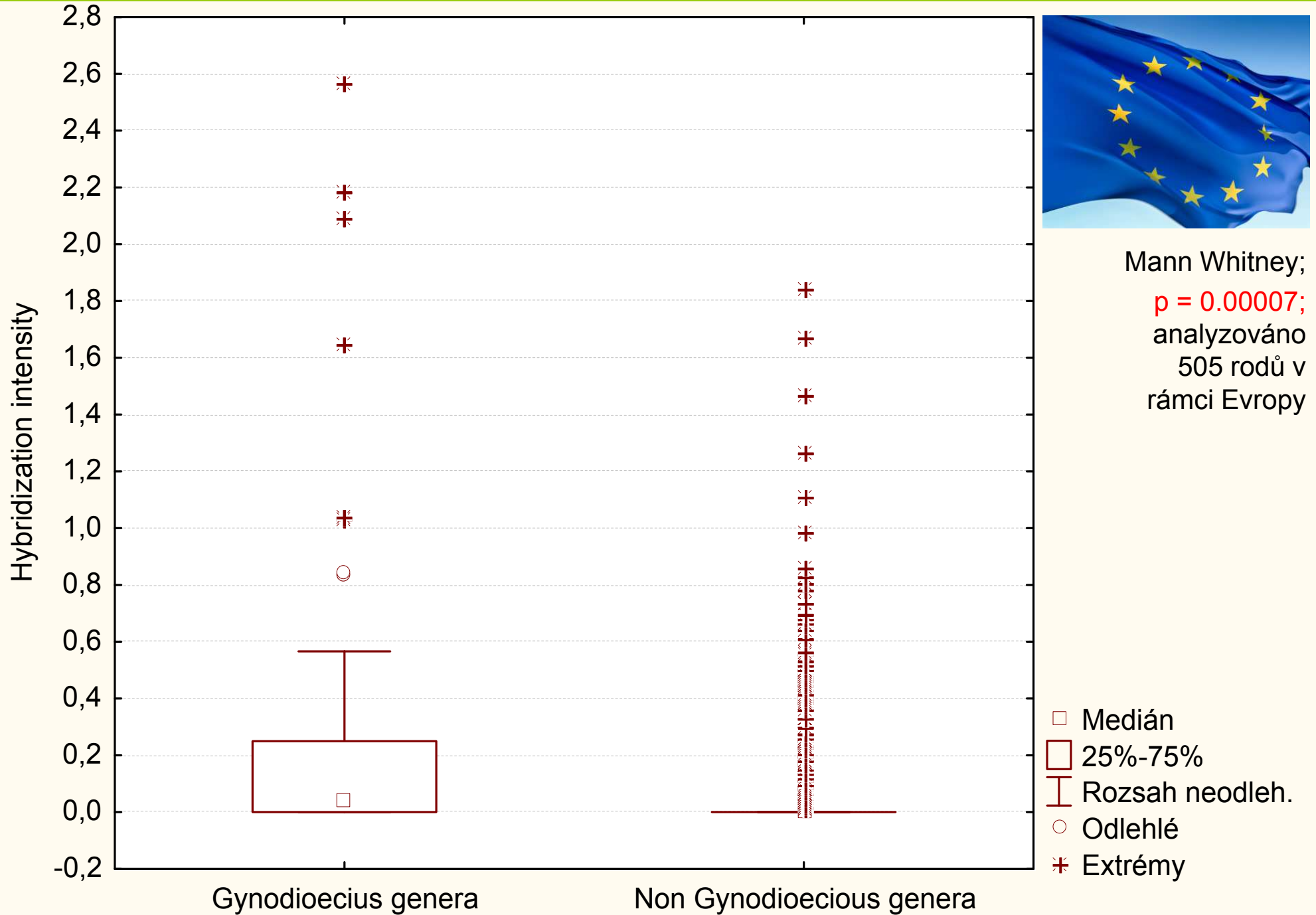
Průměrný index promiskuity = počet hybridů / počet druhů byl vypočten pro každý rod

Pro každý rod, počet hybridů a druhů byl spočten

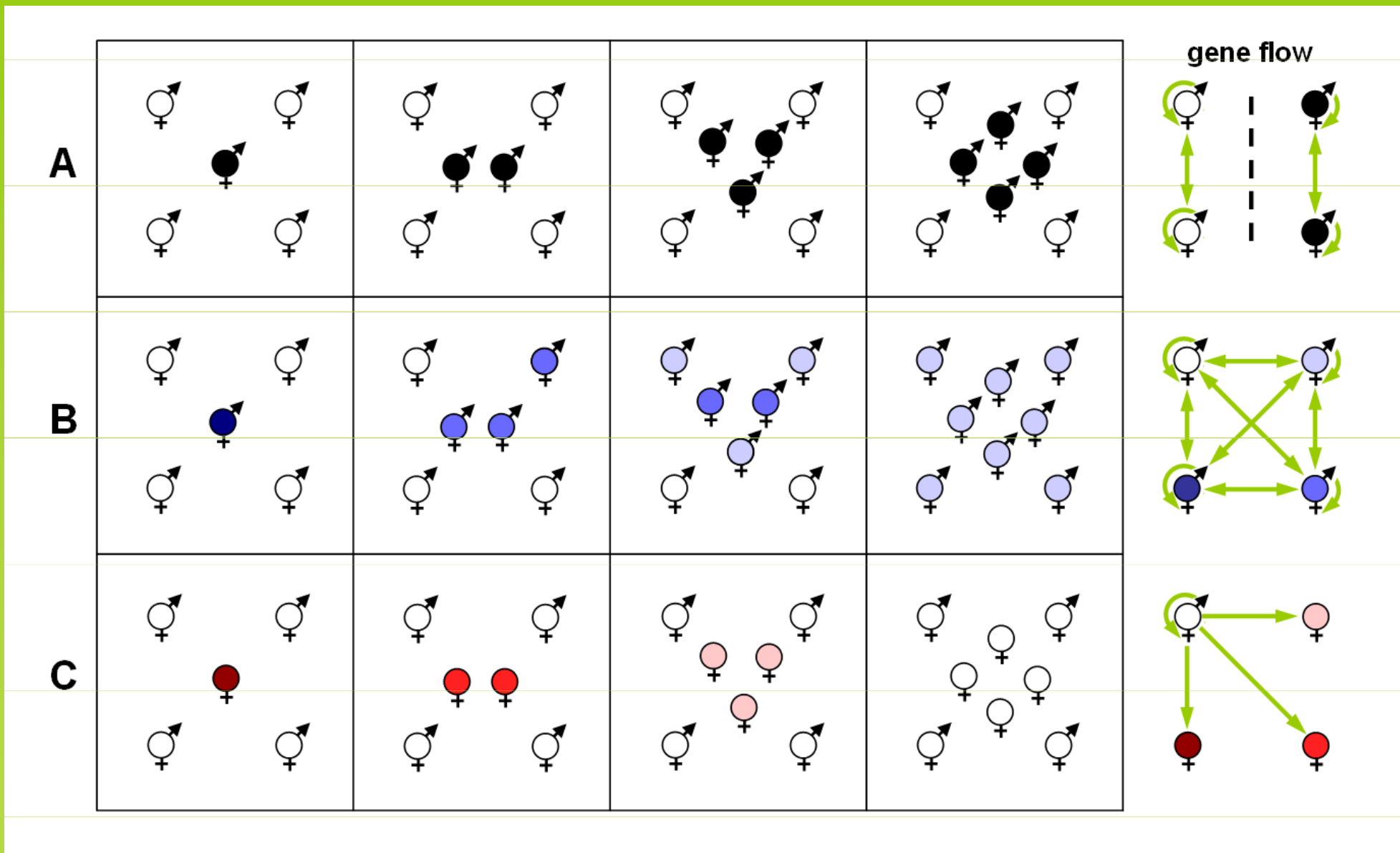
348 rodů s méně než 2 druhy ve všech třech flórách vyřazeno z analýzy

Přítomnost gynodioecie byla excerpována pro každý rod

Rody s gynodioecií častěji hybridizují !!!



Vysvětlující model = samice sirotek = černá díra pro jednosměrný tok genů

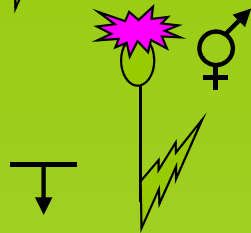
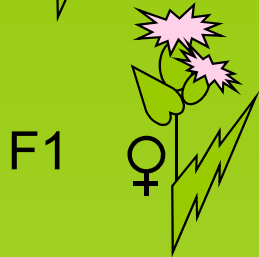
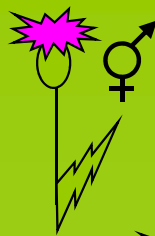


Experimentální ověření ?

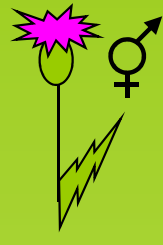
Bylo už vlastně učiněno !

Cirsium oleraceum

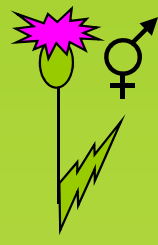
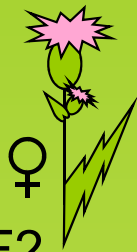
Cirsium canum



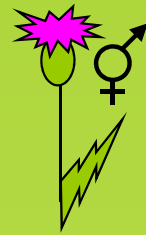
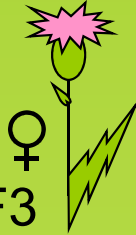
BF1



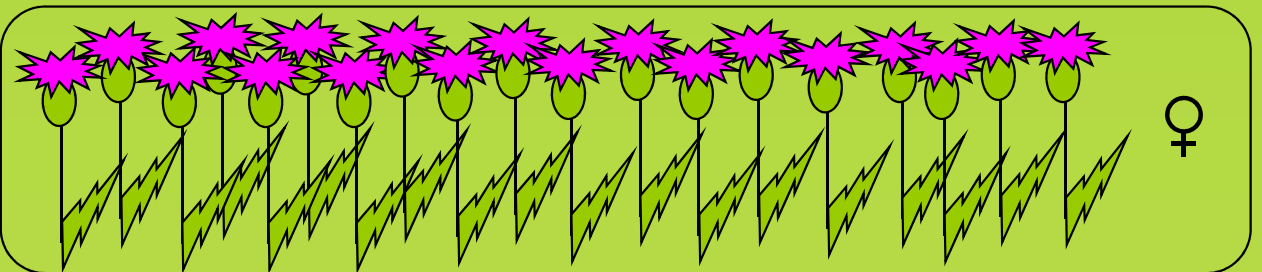
BF2



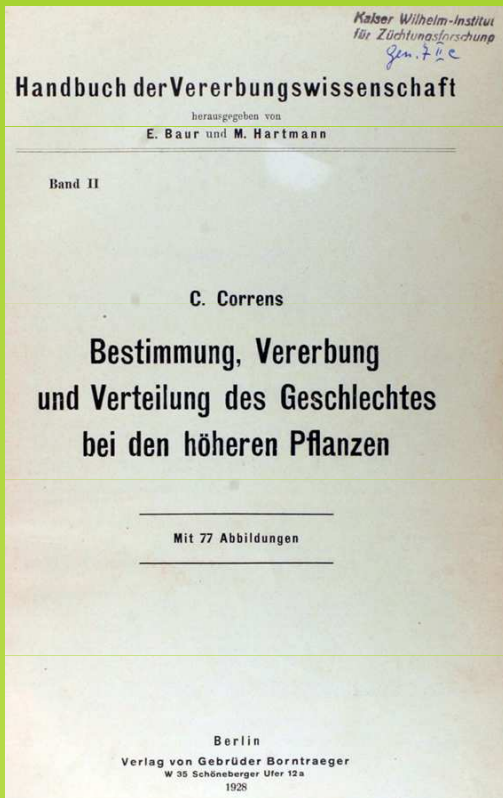
BF3



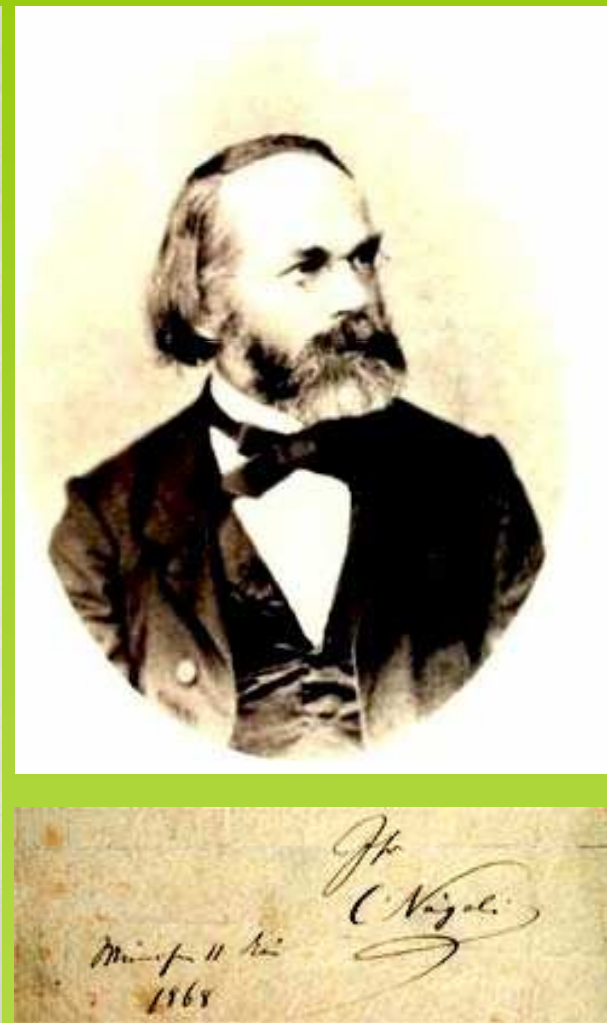
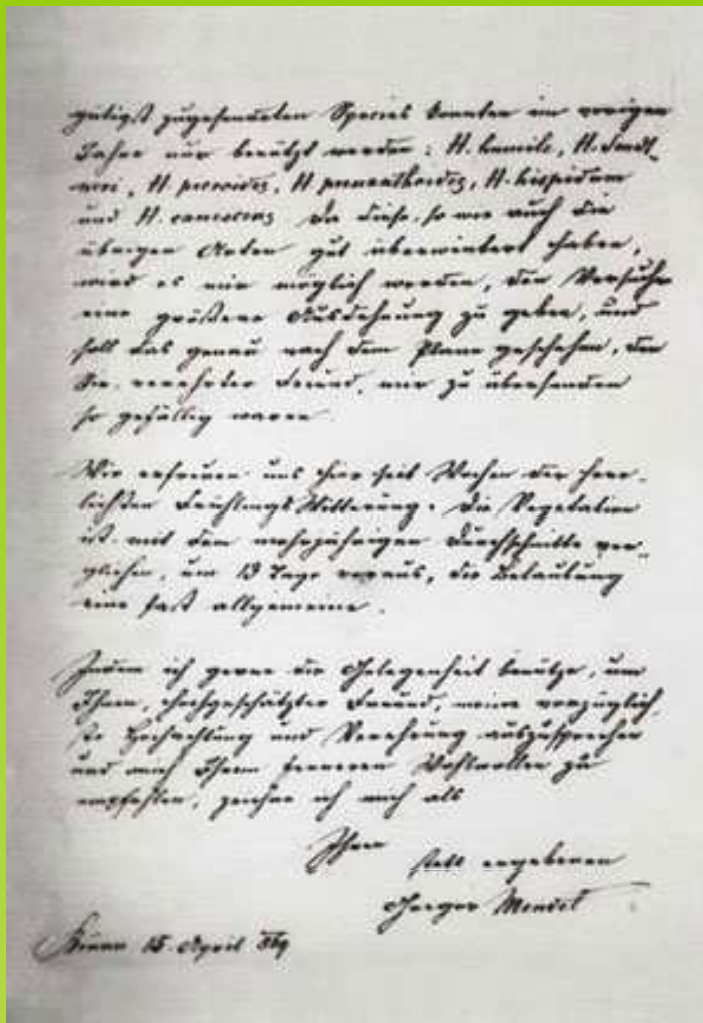
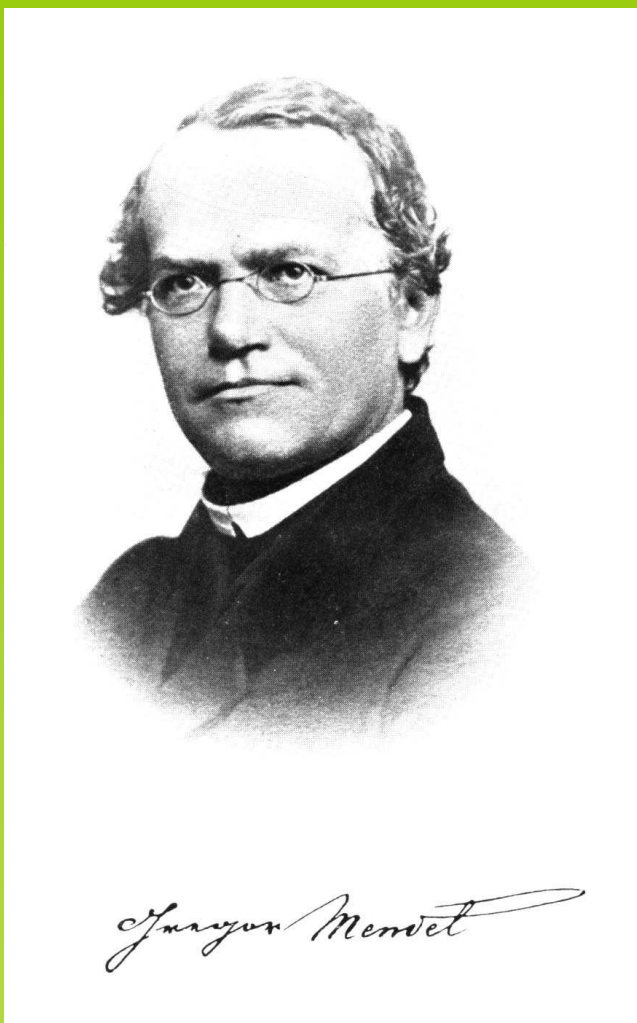
BF4



Carl Correns (1864 – 1933)

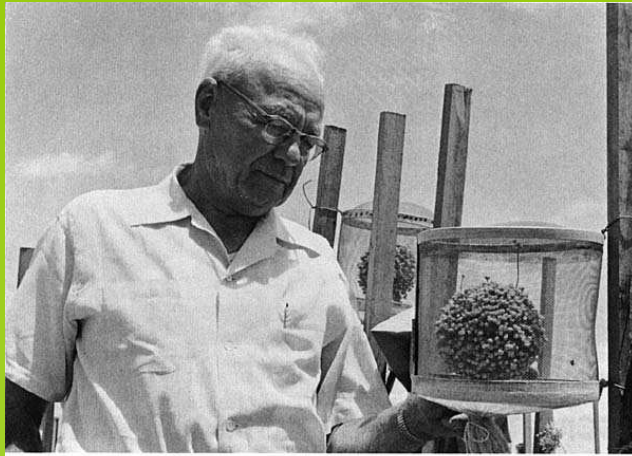


Carl Correns byl jedním ze znovuobjevitelů Mendelových zákonů dědičnosti



Publikoval v roce 1906 také poprvé Mendelovu korespondenci s Carlem Wilhelmem von Nägelim, ve které si psali o křížencích pcháčů, kterými se vedle jiného oba zabývali.

Corrensův postup používán při šlechtění od 40. let 20. století – poprvé u cibule



Seed-set being inspected by H. A. Jones
(Photo Seedmen's Digest)

Jones HA, Clarke AE. 1943. Inheritance of male sterility in the onion and the production of hybrid seed. *Proceedings of the American Society for Horticulture Science* 43: 189–194.



Mo17

F₁

B73



Springer NM, Stupar RM. 2007. Allelic variation and heterosis in maize: How do two halves make more than a whole? *Genome Res.* 17: 264-275

Důvod ?

Heterózní
efekt !

Detekce hybridogeneze

Detekce
hybridogeneze

1. morfologická
intermediarita

*Cirsium
pannonicum*

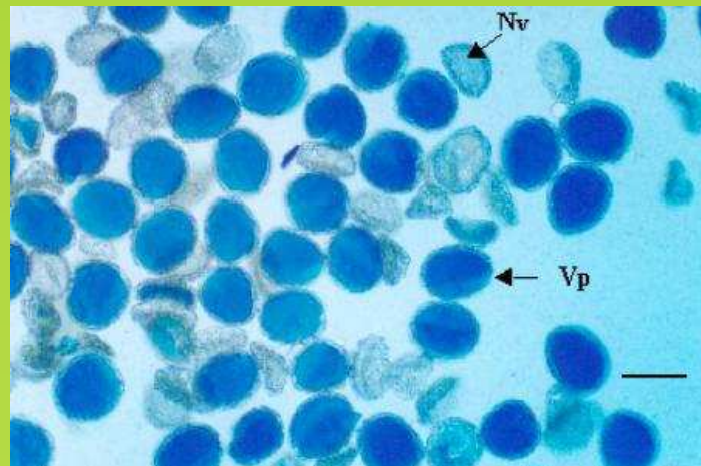


*Cirsium
erisithales*

C. erisithales x *C. pannonicum* (*C. x linkianum*)

Detekce hybridogeneze 1-3.

1. **morfologická intermediarita** (problémy: F1, F2 vyštěpování, introgresivní hybridizace vers. řízená genová exprese - gene silencing)
2. **snížená vitalita, fertilita, pylová viabilita** (absence pylu, pylové disturbance)
3. zvláštní projevy - druhy rodu *Epilobium* zavírají květy při zamračeném počasí a za šera; kříženci vrbovek mají květy i za šera otevřené



Natural hybridization between *Pseudostellaria davidii* and *Pseudostellaria palibiniana* (Caryophyllaceae)

KYUNG CHOI,* JUNG SUNG KIM† and JAE-HONG PAK‡

*Department of Biology, College of Natural Science, Kyungpook National University, Taegu, Korea, †Department of Botany, Kyoto University, Kyoto, Japan and ‡Department of Biology, Yeungnam University, Kyongsan 712-749, Korea (Email: jhpak@knu.ac.kr)



Pseudostellaria davidii 2n=32



P. palibiniana 2n=32

Table 2 Comparison of three *Pseudostellaria* species for 19 morphological characters

Characters	<i>Pseudostellaria davidii</i> (N=13) Mean ± SD (range)	Unidentified taxon (N=5) Mean ± SD (range)	<i>Pseudostellaria palibiniana</i> (N=20) Mean ± SD (range)
No. chasmogamic flowers	1.2 ± 0.4 ^a (1–2)	1.0 ± 0.0 ^a	1.0 ± 0.0 ^a
No. root	1.2 ± 0.4 ^a (1–2)	2.0 ± 1.7 ^{ab} (1–5)	2.9 ± 1.7 ^b (1–6)
Root length (mm)	8.03 ± 2.50 ^a (5.00–13.30)	20.14 ± 10.23 ^a (9.40–30.80)	40.56 ± 16.61 ^b (9.80–84.40)
Root width (mm)	2.92 ± 0.89 ^a (2.10–5.30)	2.98 ± 0.63 ^a (2.50–4.00)	1.99 ± 0.64 ^b (0.80–3.50)
Pedicle length (mm)	29.05 ± 6.94 ^a (19.40–40.90)	28.44 ± 9.59 ^a (18.50–39.80)	24.18 ± 4.76 ^a (15.60–31.90)
No. hairs on sepals	51.5 ± 16.5 ^a (20–75)	22.4 ± 12.9 ^b (13–45)	0 ^c
Sepal length (mm)	4.47 ± 0.46 ^{ab} (3.80–5.30)	3.82 ± 0.33 ^a (3.50–4.30)	5.50 ± 1.16 ^b (3.50–7.80)
Sepal width (mm)	1.58 ± 0.20 ^{ab} (1.20–1.80)	1.92 ± 1.51 ^a (1.10–4.60)	1.19 ± 0.24 ^b (0.80–1.80)
No. petals	5.0 ± 0.0 ^a	5.0 ± 0.0 ^a	6.3 ± 0.6 ^b (5–7)
Petal length (mm)	5.97 ± 1.12 ^a (4.20–7.80)	4.54 ± 0.69 ^b (4.00–5.70)	5.91 ± 0.71 ^a (4.50–7.20)
Petal width (mm)	2.25 ± 0.38 ^a (1.80–2.90)	1.70 ± 0.51 ^b (1.10–2.40)	1.46 ± 0.26 ^b (1.00–2.00)
Stamen length (mm)	5.01 ± 0.74 ^a (3.00–6.10)	2.94 ± 1.36 ^b (1.10–4.30)	3.94 ± 0.86 ^b (1.30–5.50)
No. styles	2.6 ± 0.5 ^a (2–3)	3.6 ± 0.6 ^b (3–4)	3.6 ± 0.8 ^b (2–5)
Gynoecium length (mm)	6.20 ± 0.78 ^a (4.80–7.30)	4.76 ± 0.75 ^b (4.00–6.00)	7.51 ± 1.01 ^c (5.80–9.50)
Ovary length (mm)	1.38 ± 0.20 ^a (1.00–1.70)	1.66 ± 0.30 ^b (1.30–2.10)	2.76 ± 0.82 ^b (1.50–4.30)
Position of chasmogamic flowers	Axillary	Terminal or axillary	Terminal
Pedicle hair	1 line	1 line	Glabrous
Hair on sepals	Entire	Partially distributed	Absent
Marginal shape of petals	Obtuse	Emarginate	Acute

Species with the same superscript letters do not differ significantly for that character (across rows; $P < 0.05$), Tukey HSD multiple comparison tests.

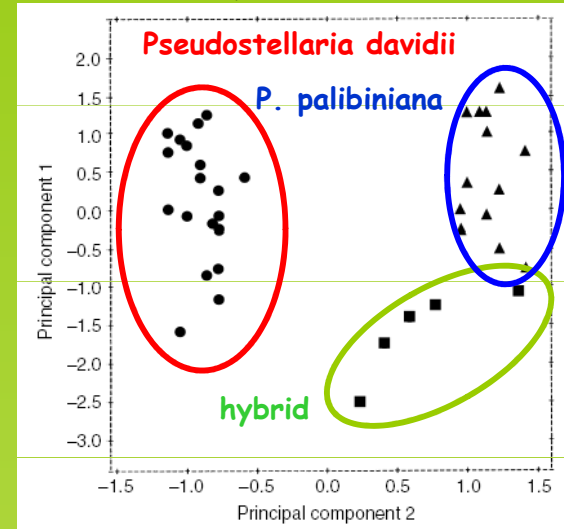


Fig. 2 Principal components plot (first two components) of (▲) *Pseudostellaria davidii*; (■) an unidentified taxon; and (●) *P. palibiniana* based on morphological variables.

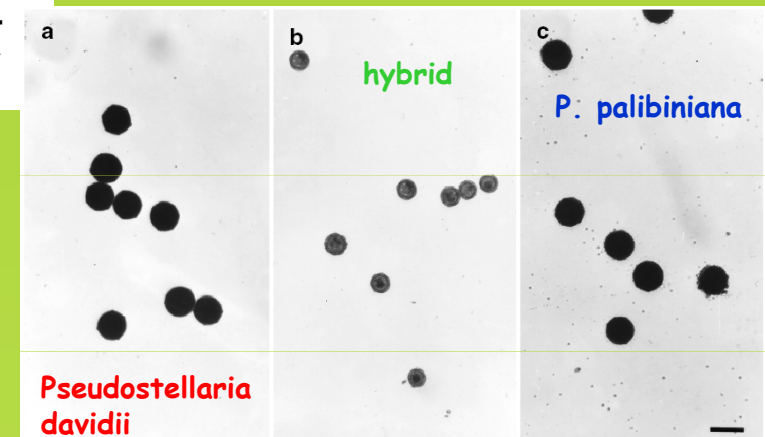


Fig. 4 Pollen grains of three *Pseudostellaria* species stained with aniline blue–lactophenol solution (Bar = 50 μm). (a) *P. davidii*; (b) an unidentified taxon; (c) *P. palibiniana*.

Detekce hybridogeneze 1,2.
morfologická intermediarita
sterilita pylu

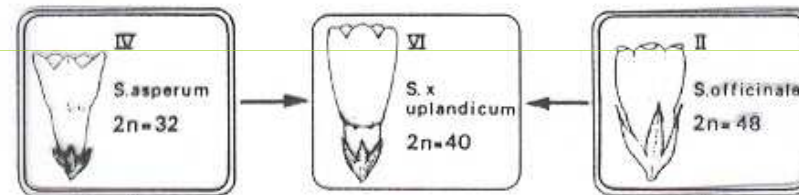
Detekce
hybridogeneze 4:
sekundární
metabolity -
prezence



HYBRIDIZATION IN *SYMPHYTUM*: PATTERN AND PROCESS

T.W.J. Gadella

Gadella, T.W.J. 1990. Hybridization in *Symphytum*: pattern and process. - *Sommerfeltia* 11: 79-96. Oslo. ISBN 82-7420-009-8. ISSN 0800-6865.



Pyrrrolizidine alkaloids	<i>S. asperum</i>	<i>S. x uplandicum</i>	<i>S. officinale</i>
Echimidine	+	+	-
Lycopsamine	-	+	+
Ac.-lycopsamine	-	+	+
Intermedine	-	+	+
Ac.-intermedine	-	+	+
Symmlandine	+	+	+
Symphytine	+	+	+
Echiumine	+	+	+
Myoscorpine	+	+	+

Fig. 3. The distribution of pyrrrolizidine alkaloids in *S. officinale*, *S. asperum* and *S. x uplandicum*.

Metody chemické v taxonomii cévnatých rostlin

dělíme je na mikromolekulární a makromolekulární

Většina metod spočívá zpravidla ve 3 základních krocích

1. extrakce nebo izolace

2. separace

3. detekce

Mikromolekulární metody studují menší molekuly sekundárních metabolitů - nejčastěji fenolických sloučenin, z nichž mnohé mají funkci barviv nebo silic

flavonoidy (např. u čel. Asteraceae, - flavon, flavanon, flavanonol, malvidin, betanidin nebo chalkon)

a jim podobné látky jako katechiny, anthokyaniny (květní barviva), kumariny (Apiaceae, Fabaceae) terpenoidy a jejich deriváty - např. seskviterpenoidní laktony (u čel. Asteraceae - adenostylon, petasitin, Lamiaceae - mentol)

nebo chinony (benzochinon, naftochinon, ubichinon, fyllochinon, anthrachinon, plastochinon atd. - např. u čel. Caesalpiniaceae, Resedaceae)

stilbeny (např. pinosylvin - ve dřevě gymnosperm a v tropických dřevin - produkované ve zvýšené míře hlavně při poranění - plní baktericidní funkci)

aldoximy (vznikají z aromatických aminokyselin)

glykosidy (např. hořčičné glykosidy u čel. Brassicaceae nebo kyanogenní glukosidy u řady čeledí - např. u zástupců čel. Fabaceae, Asteraceae)

karotenoidy

saponiny

alkaloidy (Papaveraceae, Ranunculaceae, Liliaceae, Amaryllidaceae - známy stovky - např. morfin, papaverin, thebain, atd.)

Mnohé tyto látky představují selektivně pozitivní kompetiční vlastnosti rostlin at' už jde o

barviva (ochranna či atraktanty),

silice (atraktanty)

toxiny a odpuzovače (proti hmyzu, houbám, bakteriím nebo jiným vyšším rostlinám)

Základní separační technikou těchto metod je chromatografie

Detekce
hybridogeneze 4:
sekundární
metabolity -
chromatogram



Photo© Raija Tuomänen



Fröst, S. & Ising, G. (1968). An investigation into the phenolic compounds in *Vaccinium myrtillus* L. (Bilberries), *Vaccinium vitis-idaea* L. (Cowberries), and the hybrid between them *V. intermedium* Ruthe employing thin layer chromatography. *Hereditas*, 60, 72-6.

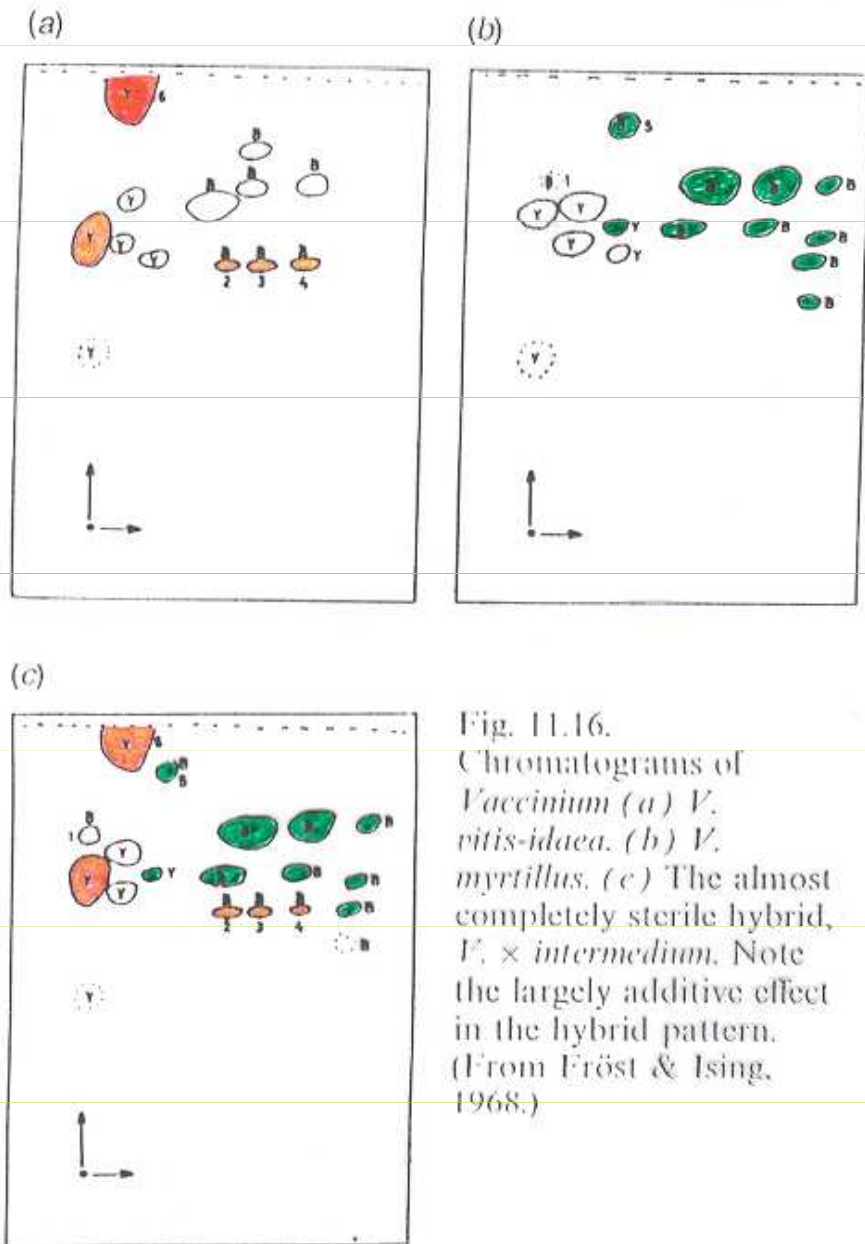


Fig. 11.16.
Chromatograms of
Vaccinium (a) *V.*
vitis-idaea. (b) *V.*
myrtillus. (c) The almost
completely sterile hybrid,
V. × *intermedium*. Note
the largely additive effect
in the hybrid pattern.
(From Fröst & Ising,
1968.)

Detekce hybridogeneze 5. - Experimentální hybridizace

Významnými byly také pokusy opakovat experimentálně vznik hybridogenních druhů spojené s testy křížitelnosti - viz klasické pokusy Müntzinga zaměřené na vysvětlení hybridního původu *Galeopsis tetrahit*.



Galeopsis speciosa

$2n = 2x = 16$

Galeopsis tetrahit

$2n = 4x = 32$



Galeopsis pubescens

$2n = 2x = 16$

Experimentální důkaz alloploidní speciace *Galeopsis tetrahit*

Müntzing A. *Hereditas*, 13: 185-341, 14: 153-172, 1930

zkřížil mateřskou rostlinu *Galeopsis pubescens* (PP) s
otcovskou *G. speciosa* (SS)

obdržel homoploidního hybridu F1 (PS)

křížením jedinců F1 dostal triploida F2 (zřejmě PSS)

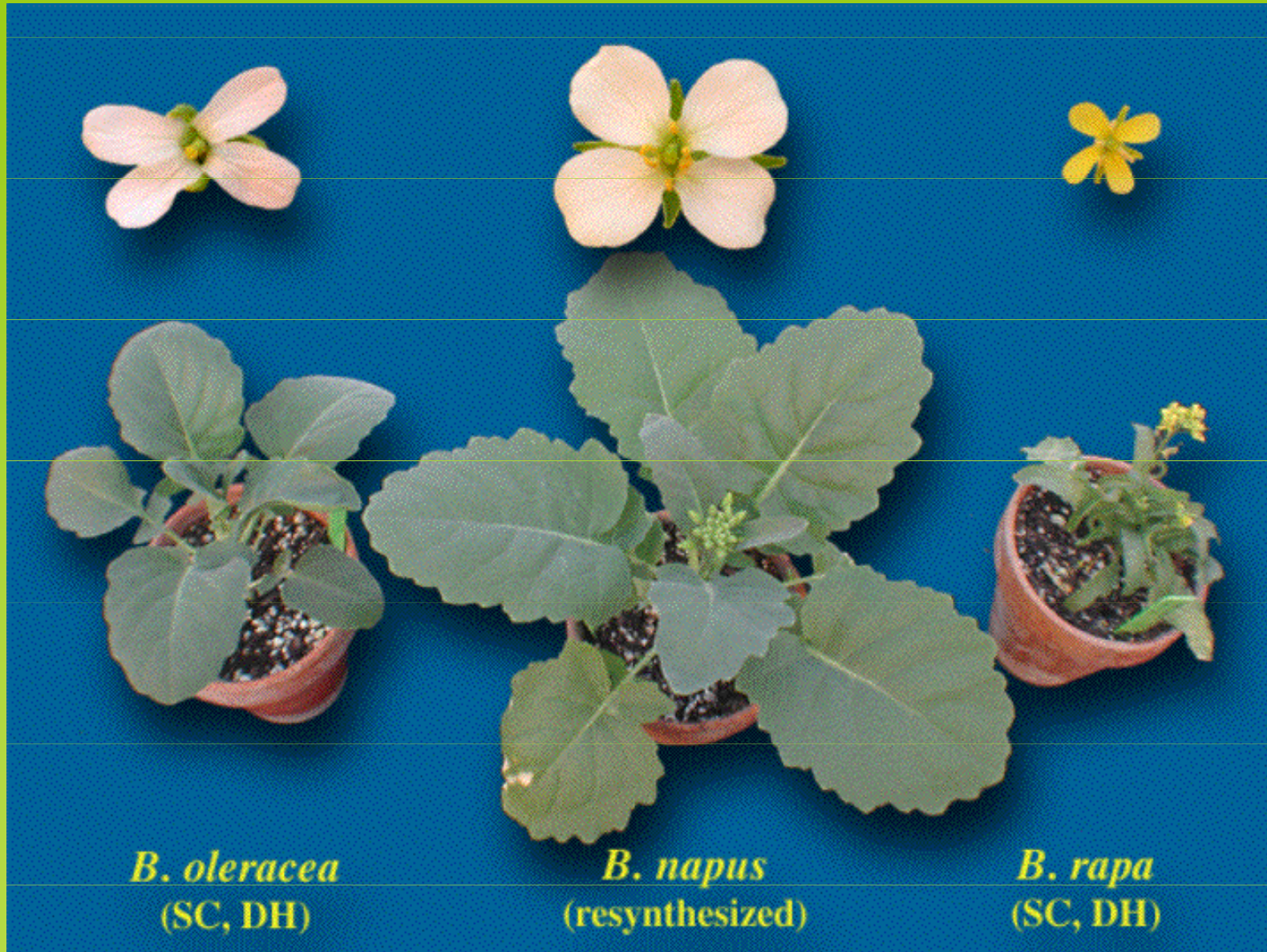
toho pak zkřížil zpětně s *G. pubescens* = PP x PSS

obdržel tetraploida (zřejmě PPSS)

tetraploid se

velmi podobal *G. tetrahit* a dal se s ní bez problémů křížit

Pires JC, J Zhao, ME Schranz, EJ Leon, PA Quijada, LN Lukens, and TC Osborn. 2004. Flowering time divergence and genomic rearrangements in resynthesized *Brassica* polyploids (Brassicaceae). *Biological Journal of the Linnean Society* 82: 675-688.



B. oleracea
(SC, DH)

B. napus
(resynthesized)

B. rapa
(SC, DH)

Occurrence of *Polypodium xmantoniae* and new localities for *P. interjectum* in the Czech Republic confirmed using flow cytometry

Polypodium xmantoniae a nové lokality *P. interjectum* v České republice, potvrzené pomocí průtokové cytometrie

Petr Bureš¹, Lubomír Tichý¹, Yi-Feng Wang² & Jan Bartoš³

¹Masaryk University, Faculty of Science, Department of Botany, Kotlářská 2, CZ-611 37 Brno, Czech Republic, e-mail: bures@sci.muni.cz, tichy@sci.muni.cz; ²North-west Normal University, Department of Biology, Anning East Road 805, Lanzhou 730070, Gansu Province, China, e-mail wangyifeng6481@yahoo.com.cn; ³Institute of Experimental Botany, Academy of Sciences of the Czech Republic, Sokolovská 6, CZ-772 00 Olomouc, Czech Republic, e-mail: bartos@ueb.cas.cz

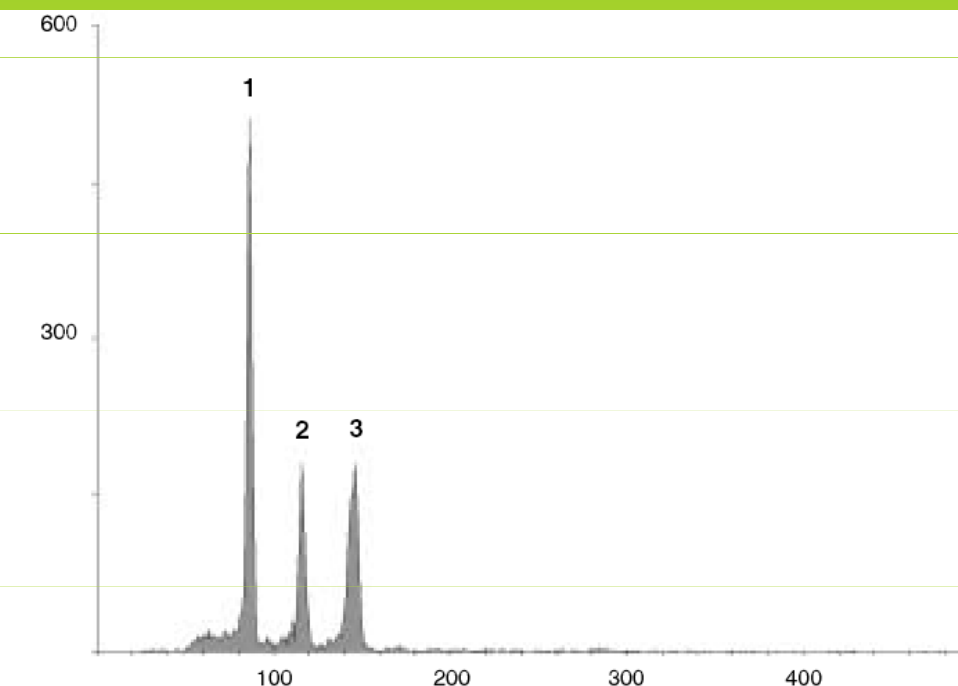


Fig. 2. – Flow cytometry histogram based on DAPI staining, x axis – relative fluorescence channel; y axis – number of nuclei; peak 1 = *Polypodium vulgare*, loc. Sloup (mean = 86.11; CV = 0.87%); peak 2 = *P. xmantoniae*, loc. Javoříčské jeskyně (mean = 115.74; CV = 1.08%); peak 3 = *P. interjectum*, loc. Adamov: Býčí skála (mean = 144.54; CV = 1.56 %).

Detekce hybridogeneze 6b: FCM

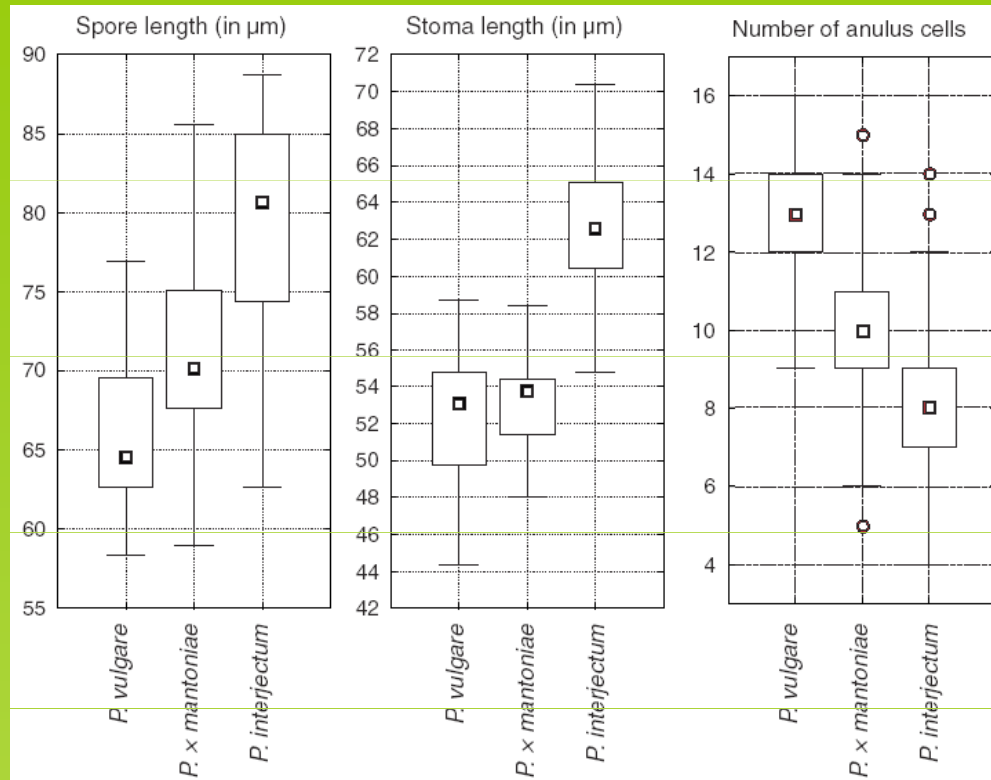


Fig. 3. – Box and whisker plots of three main diagnostic micromorphological features of *Polypodium vulgare* agg., measured on plants determined by flow cytometry. Symbols: square = median, box = 25–75%, whisker = non-outlier min.–non-outlier max., circle = outlier. Samples: *P. vulgare* = localities Sloup and Punkevní jeskyně, *P. xmantoniae* = localities Javoříčské jeskyně and Suchý žleb, *P. interjectum* = localities Býčí skála and Kostelík. Number of measurements: spores of 3 species × 2 samples × 30 measurements, stomata 3 × 2 × 30, annulus cells 3 × 2 × 250. Only well developed spores were measured.



Polypodium vulgare



P. x mantoniae



P. interjectum

heteroploidní hybridizace

Detekce hybridogeneze 6b: FCM

Theor Appl Genet (2000) 101:690–696

© Springer-Verlag 2000

J. Kato · M. Mii

Differences in ploidy levels of inter-specific hybrids obtained by reciprocal crosses between *Primula sieboldii* and *P. kisoana*

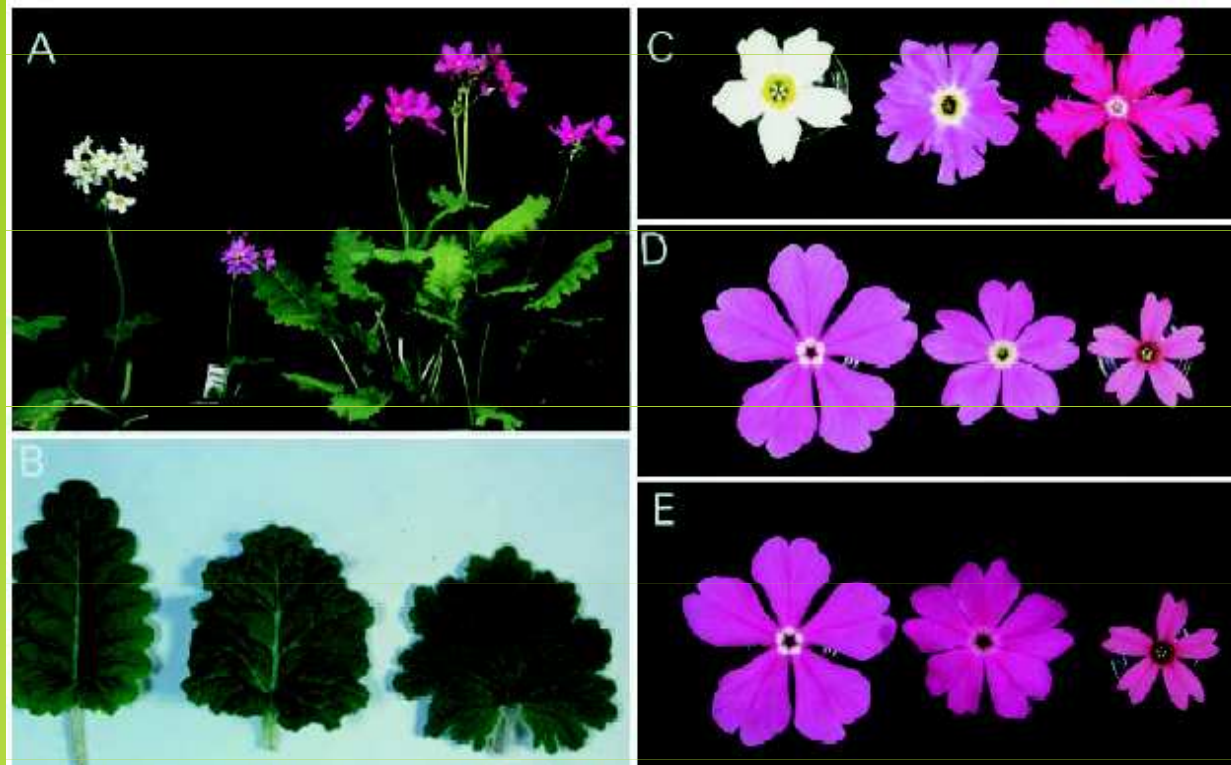


Fig. 4A–E Characteristics of the hybrids obtained by reciprocal crosses between *P. kisoana* and *P. sieboldii*. **A** Flowering plants of *P. kisoana* cv. Shirobana-Shikoku (left) used as a maternal parent, inter-specific diploid hybrid (center) and *P. sieboldii* cv. Ooasahi (right) used as a pollen parent, **B** leaf shape of *P. sieboldii* cv. Miyuki (left) used as a maternal parent, inter-specific triploid hybrid (center) and *P. kisoana* cv. Shirobana-Shikoku (right) used as a pollen parent, **C** flower shape of *P. kisoana* cv. Shirobana-Shikoku

(left) used as a maternal parent, inter-specific diploid hybrid with pale yellow eye (center) and *P. sieboldii* cv. Ooasahi (right) used as a pollen parent, **D** flower shape of *P. sieboldii* cv. Miyuki (left) used as a maternal parent, inter-specific triploid hybrid with pale yellow eye and *P. kisoana* cv. Iyobeni (right) used as a pollen parent, **E** flower shape of *P. sieboldii* cv. Miyuki (left) used as a maternal parent, inter-specific triploid hybrid without yellow eye (center) and *P. kisoana* cv. Iyobeni (right) used as a pollen parent

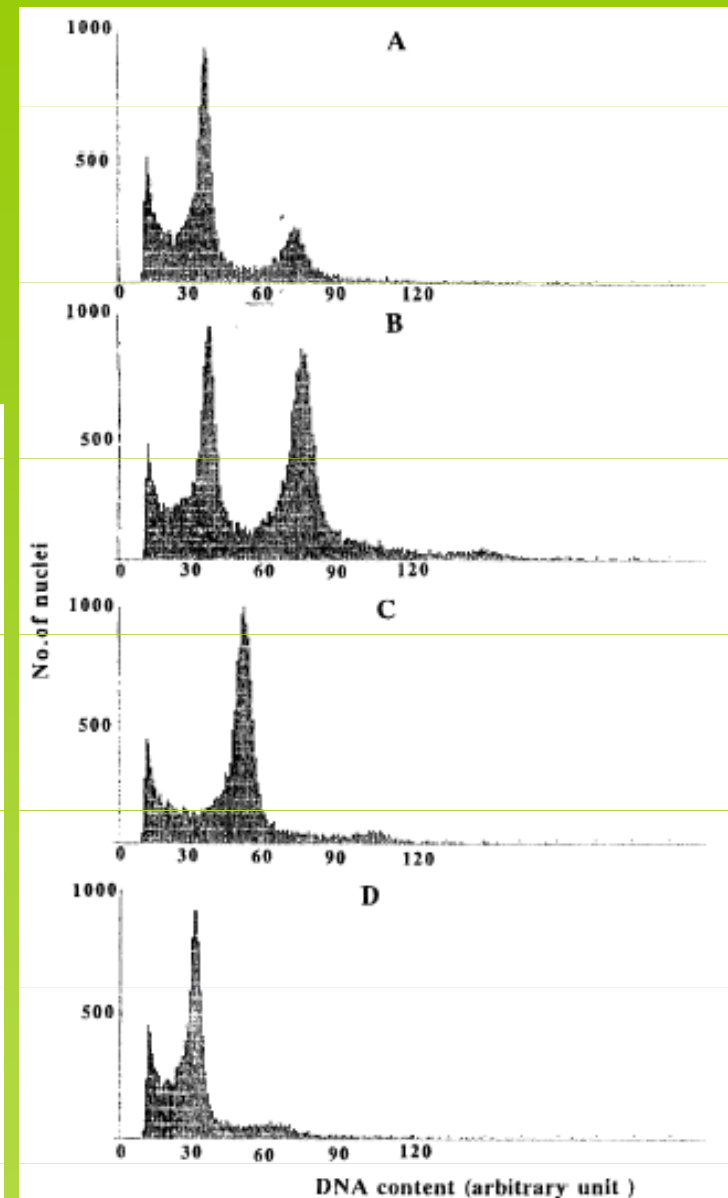


Fig. 2 Flowcytometric profiles of **A** *P. kisoana* $2n=24$ (diploid), **B** diploid (left peak, $2n=2x=24$) and tetraploid (right peak, $2n=4x=48$) cultivars of *P. sieboldii*, **C** triploid hybrid obtained from inter-specific cross between *P. sieboldii* cv. Miyuki and *P. kisoana* cv. Iyobeni, **D** diploid hybrid obtained from inter-specific cross between *P. kisoana* cv. Shirobana-Shikoku and *P. sieboldii* cv. Ooasahi

Detekce hybridogeneze 6c:

FCM

Folia Geobotanica 40: 367–384, 2005

GENOME SIZE DISCRIMINATES BETWEEN CLOSELY RELATED TAXA *ELYTRIGIA REPENS* AND *E. INTERMEDIA* (POACEAE: TRITICEAE) AND THEIR HYBRID

Václav Mahelka¹⁾, Jan Suda^{1,2)}, Vlasta Jarolímová¹⁾, Pavel Trávníček^{1,2)} & František Krahulec¹⁾

1) Institute of Botany, Academy of Sciences of the Czech Republic, Průhonice 1, CZ-252 43, Czech Republic, fax +420 2 6775 0031, e-mail mahelka@ibot.cas.cz

2) Department of Botany, Charles University, Benátská 2, CZ-128 01, Prague, Czech Republic

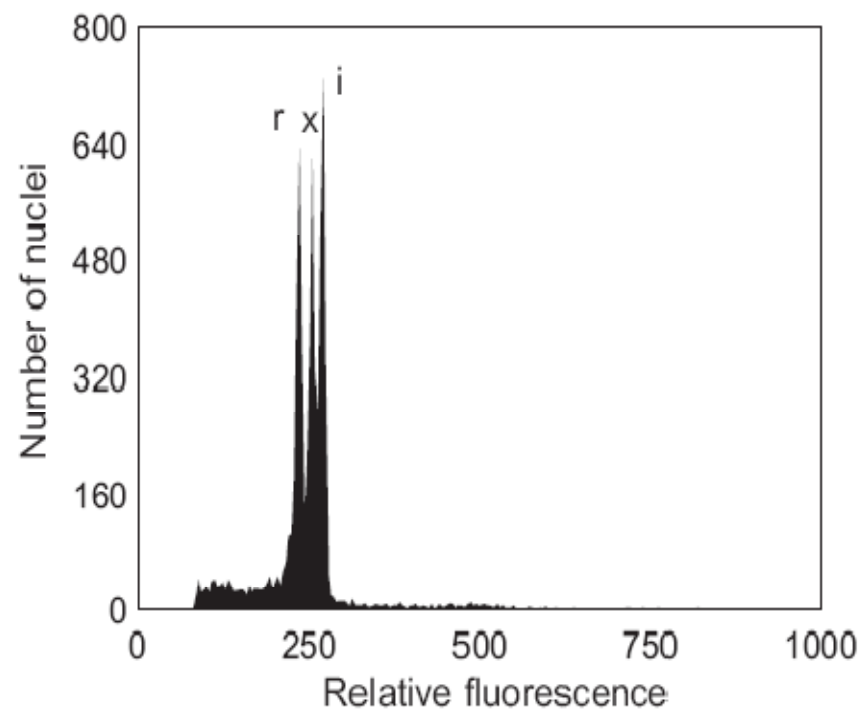


Fig. 2. Histogram of relative DNA content of *Elytrigia repens* (r), putative hybrid (x), and *E. intermedia* (i). Nuclei of the three plants were isolated, stained with DAPI and analyzed simultaneously.

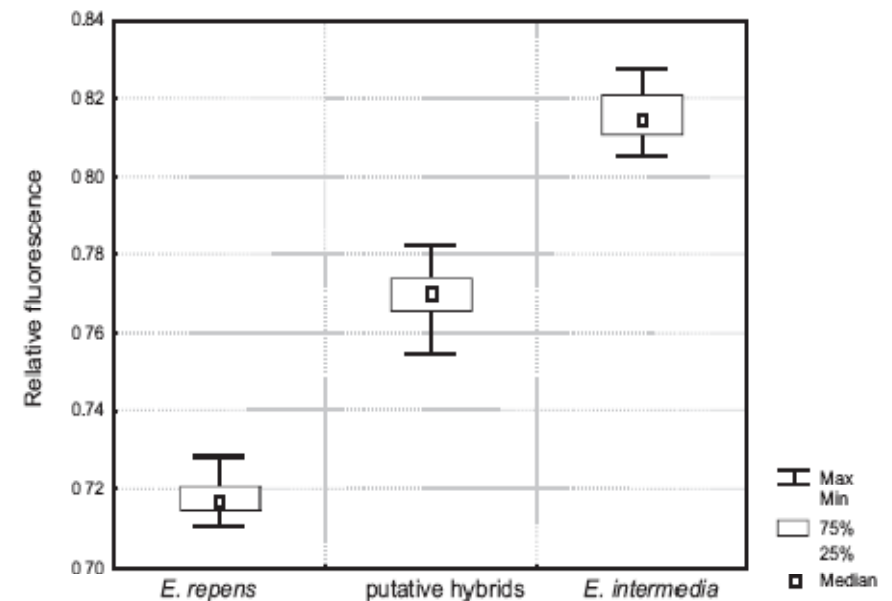


Fig. 3. Box plots illustrating relative fluorescence of nuclei (DAPI-stained) for hexaploid plants of *Elytrigia repens* (101 individuals), putative hybrids (38 individuals), and *E. intermedia* (90 individuals). *Triticum aestivum* was used as internal standard and its genome size was considered as unit value.

Detekce hybridogeneze 7. Meiotické synapse

analýza párování chromosomů (synapsí) v meiotické metafázi I, čili tvorba bivalentů, multivalentů popř. univalentů.

Poprvé tvorbu bivalentů a univalentů v meiózi pozoroval Otto Rosenberg (1903) u hybrida *Drosera xobovata* ($2n = 30$; 10II + 10I) mezi *Drosera rotundifolia* ($2n = 20$) a *Drosera anglica* ($2n = 40$).



Drosera rotundifolia

($2n = 30$)



Drosera xobovata

($2n = 30$; 10II + 10I)



Drosera anglica

($2n = 40$)

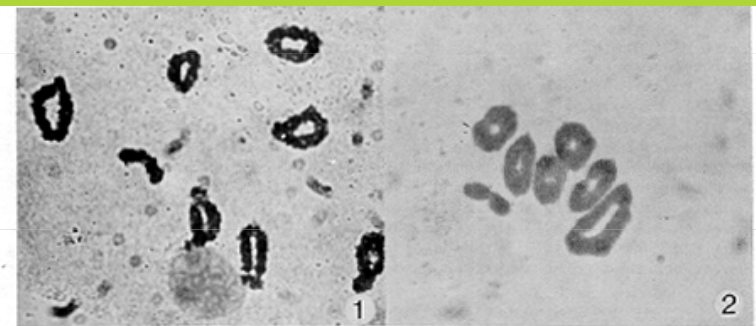
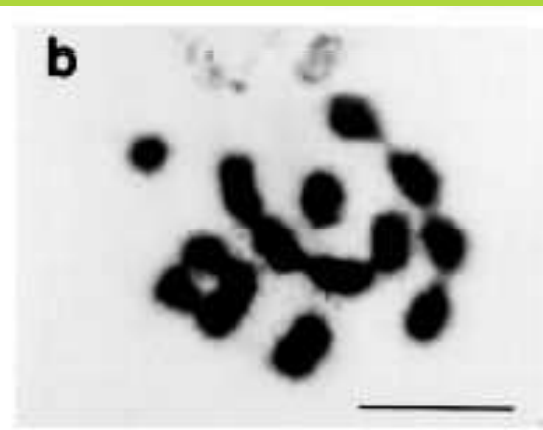
Detekce hybridogeneze 7. Meiotické synapse

Tato deduktivní metoda vycházela z předpokladu, že rozdíly v chromosomální architektuře rodičovských druhů jsou primární příčinou chyb v párování chromosomů při tvorbě bivalentů u jejich hybridů.

Tyto rozdíly ve strukturálním uspořádání chromosomů jsou stejně jako neschopnost tvořit meiotické bivalenty obvykle příčinou sterility hybridů (Stebbins 1950, 1971).

Tvorba univalentů v meioze u hybridů je určována spíše specifickými geny než příbuzností genomů, což jako první předpokládal již Darlington (1937). Gen *Ph1* zodpovědný za párování meiotických chromosomů u hybrida byl objeven např. u pšenice (Riley & Chapman 1958, Benavente et al. 1998) nebo u ječmene (Zhang et al. 1999) a dalších druhů (Briggs & Walters 1997).

Secale cereale
 $2n=2x=14$
Metaphase I
Octovalent



Figures 1 to 2. Meiosis in 8 chromosome paired barley. 1, Diakinesis in 8 chromosome paired barley showing the 7 normal pairs in the form of ring bivalents and the extra chromosomes as a rod bivalent. 2, Metaphase I showing $5^{II} + 1^{IV}$ plus a small rod bivalent formed by the extra chromosomes.

Occurrence of numerically unreduced (2n) gametes in *Alstroemeria* interspecific hybrids and their significance for sexual polyploidisation

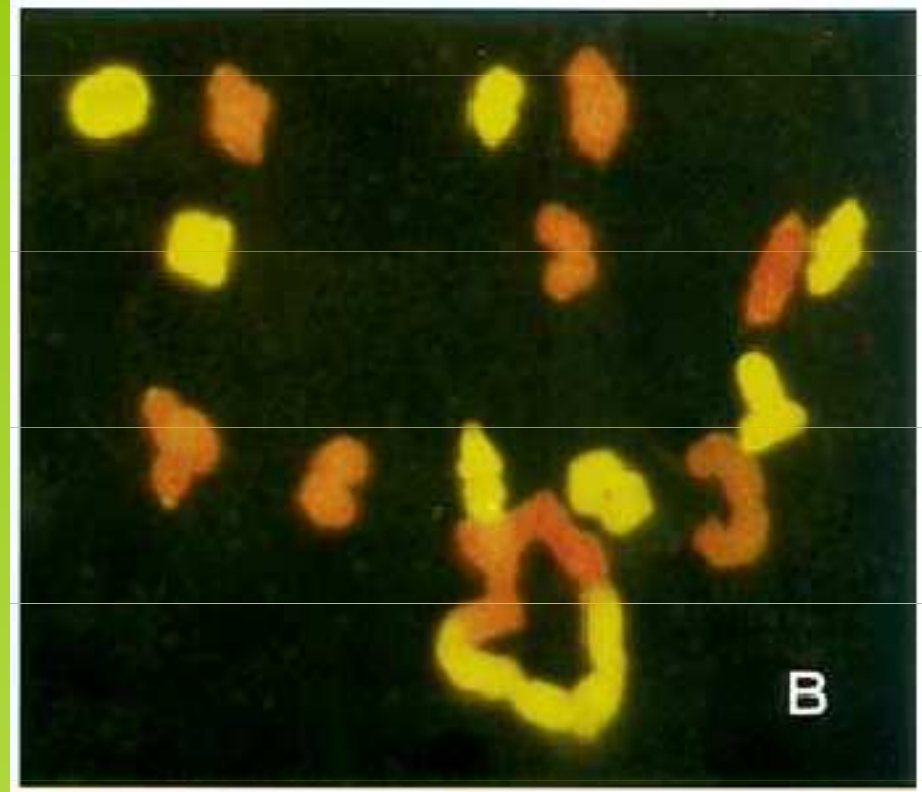
M.S. Ramanna, A.G.J. Kuipers* & E. Jacobsen

Laboratory of Plant Breeding, Wageningen University and Research Center, P.O. Box 386, 6700 AJ Wageningen, The Netherlands; (*author for correspondence: e-mail: Anja.Kuipers@wur.nl)

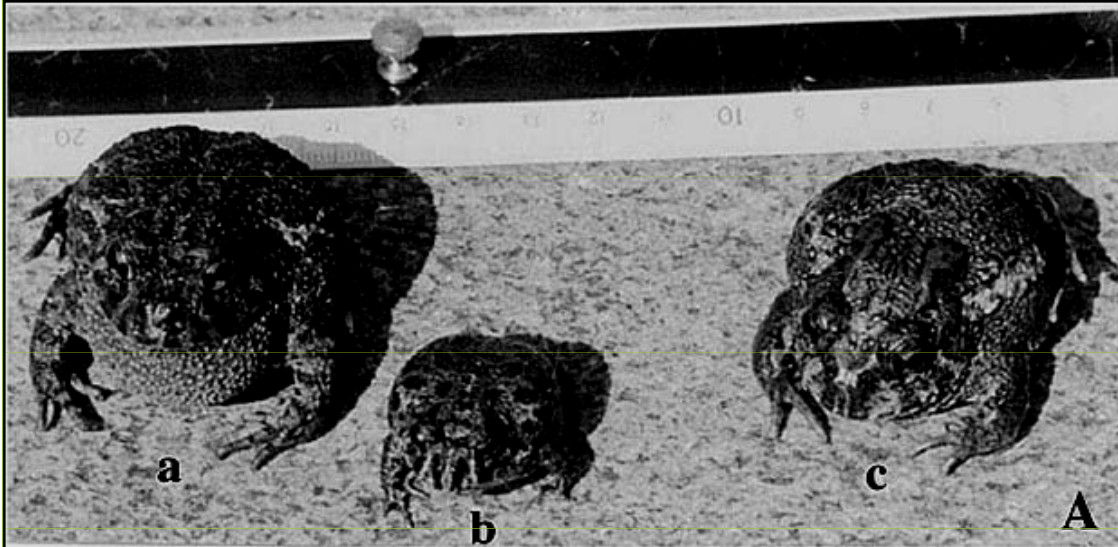


Alstroemeria pelegrina

Detekce hybridogeneze 7. *Meiotické synapse*



Meiosis in the sexual polyploids of *A. inodora* × *A. pelegrina* B, metaphase I stage in showing one ring quadrivalent and 14 bivalents.



Kvadrivalenty u
autotetraploidní
ropuchy $2n=4x=44$

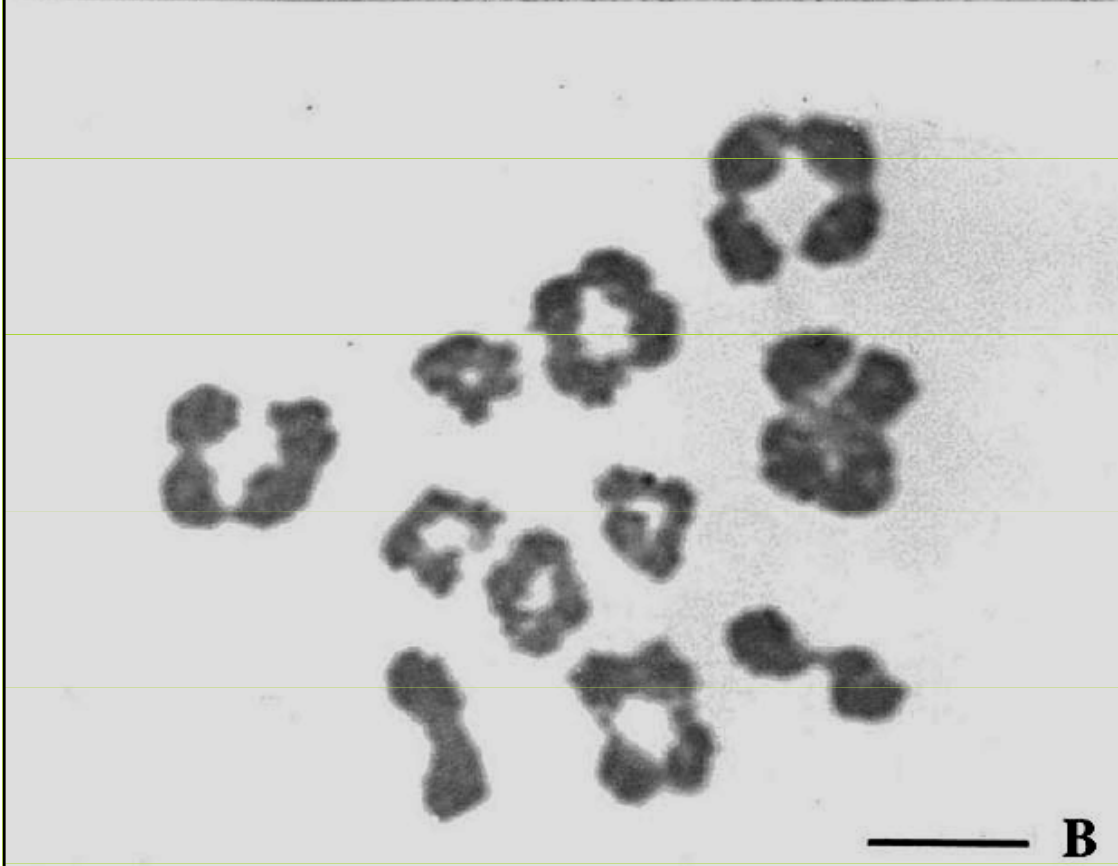
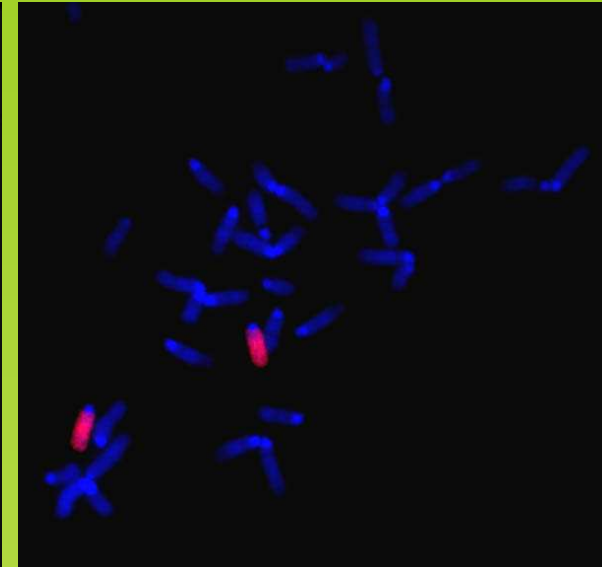


Figure 2. A, Three specimens of *Odontophrynus*: *O. americanus*, ♂, $4n = 44$ (a); artificial hybrid (3n), young, $3n = 33$ (b); *O. cultripes*, ♀, $2n = 22$ (c). B, Meiotic interphase showing 11 quadrivalents (*O. americanus*, 4n, ♂, bar = 5 μm).

Nepravidelnosti v synapsích

Lolium temulentum a *L. perenne* se liší genomově o 60 %, přesto se ale jejich chromosomy regulárně párují, to se ale mění pokud jsou přítomny B-chromosomy



FISH painted
B chromosomes
(u myši)

Isoenzymy

Předmětem studia jsou bílkoviny - proteiny - složené z aminokyselin

je jich víc jak 100 (molek. hmotnost víc jak 10.000)
spojené peptidickou vazbou

Primární struktura je dána sekvencí aminokyselin a je určena geneticky.

Samotné aminokyseliny mají různé molekuly

ty mohou být neutrální, či mohou mít kladný nebo záporný náboj,

současně může být aminokyselinový radikál buď hydrofilní nebo naopak hydrofóbní povahy

tyto 3 vlastnosti

velikost,

náboj

stupeň hydrofility

ovlivňují tvar - sekundární a terciární strukturu bílkoviny.

často je funkční enzym složen z více podjednotek
tvořených polypeptidickými řetězci pak hovoříme o
kvartérní struktuře

podle počtu podjednotek hovoříme

monomerech,

dimerech,

trimerech,

tetramerech, ...

mutace v molekule DNA může rezultovat ve změnu sekvence aminokyselin, jenž se může odrazit v

změně

náboje

velikosti

tvaru

aktivitě či substrátové specifitě enzymu

enzymovou specifitu chápeme ve dvou smyslech:

- katalýza pouze jednoho typu přeměny dané látky
- schopnost katalyzovat jediný typ substrátu (jiný byť velice podobný - např. optický izomer nikoli)

rozsah této specifity může však být u různých enzymů různý

isoenzymy katalyzují stejnou reakci ale strukturálně se liší velikostí nebo sekvencí aminokyselin

i velmi drobné takové rozdíly se mohou výrazněji promítnout do

změny náboje a konformace molekuly

allozymy jsou isozymy kódované různými alelami téhož genu tj. v rámci jednoho lokusu

Monomerní enzym

2x, 2 alely

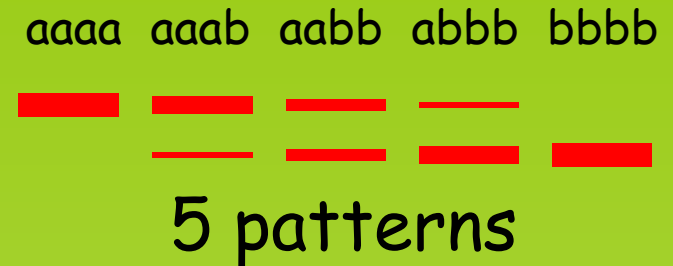
ab aa bb
3 patterns



Monomerní enzym

4x, 2 alely

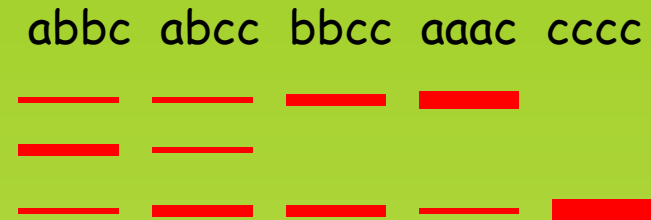
aaaa aaab aabb abbb bbbb
5 patterns



Monomerní enzym

4x, 3 alely

abbc abcc bbcc aaac cccc



$$\frac{(n+k-1)!}{k!(n-1)!}$$

$$k=4, n=3$$

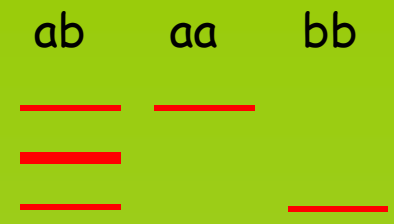
$$6!/4!.2! = 5.3 = 15 \text{ patterns}$$

Monomerní enzym

6x, 4 alely - 84 patterns

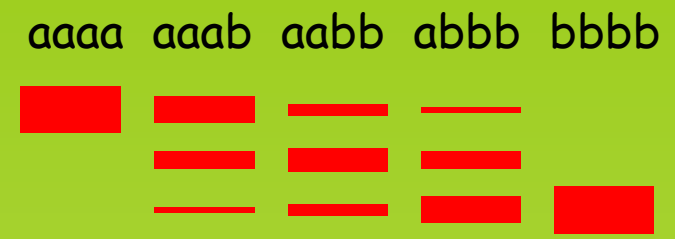
Dimerní enzym

2x, 2 alely



Dimerní enzym

4x, 2 alely



Dimerní enzym

4x, 3 alely



Stejný pattern
1:4:6:4:1 má
tetramerní enzym
při 2 alelách

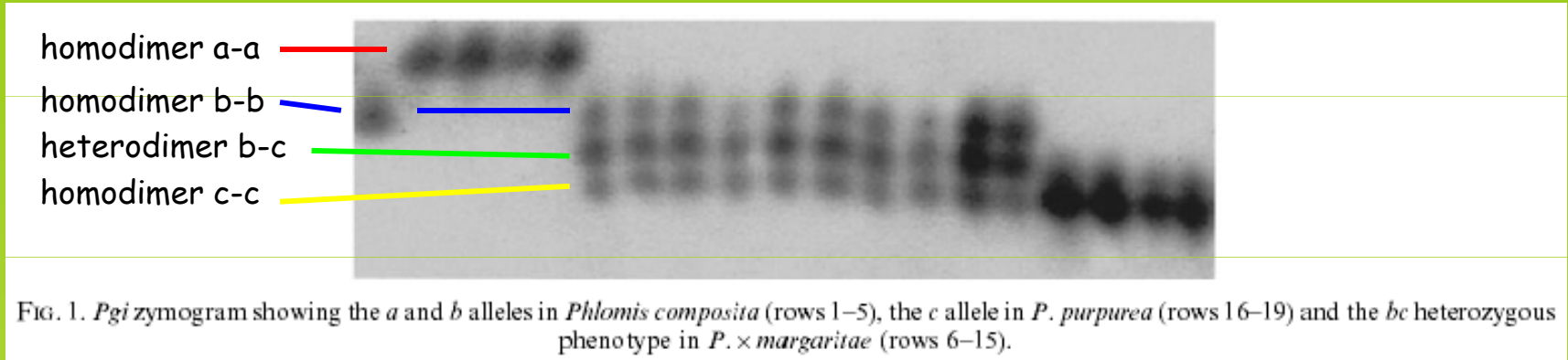
splývá 4x homodimer $\beta\beta$ + 2x heterodimer $\alpha\gamma$

Detekce hybridogeneze 8. isozymové patterns

Isozyme Evidence for Natural Hybridization in *Phlomis* (Lamiaceae): Hybrid Origin of the Rare *P. × margaritae*

A. APARICIO*‡, R. G. ALBALADEJO*, M. PORRAS* and G. CEBALLOS‡

*Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla, 41012 Sevilla, Spain and ‡Departamento de Botánica y Recursos Forestales, C. Marcelo Spinola, Universidad de Gales, 41086 Sevilla, Spain



Zymogram pro dimerický enzym fosfoglukoizomerázu (PGI)



Phlomis composita
2n=30



Phlomis × margaritae
2n=30



Phlomis purpurea
2n=28

The arctic-alpine polyploids *Cerastium alpinum*
and *C. nigrescens* (Caryophyllaceae) in a sympatric situation:
breakdown of species integrity?

A. R. Hagen¹, T. Sæther¹, L. Borgen¹, R. Elven¹, O. E. Stabbetorp², and C. Brochmann¹

¹Natural History Museums and Botanical Garden, University of Oslo, Norway

²The Foundation for Nature Research and Cultural Heritage Research, Oslo, Norway

MDH - malátdehydrogenáza - dimerický enzym,
na 3 lokusech po jedné až dvou alelách,
monomery a heterodimery

TPI - triózfosfátizomeráza - dimerický enzym
na 3 lokusech po jedné až pěti alelách



Cerastium alpinum ssp. *alpinum*
Foto: Gunnar Bureid

Cerastium alpinum 2n=72

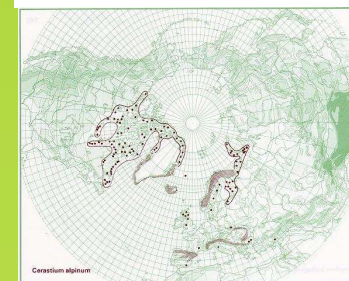


© Chris Gomersall

C. nigrescens 2n=108

	<i>C. alpinum</i>		putative hybrids			<i>C. nigr.</i>
	1	2	3	4	5	6
'Mdh-1'	1	—	—	—	—	—
	2	—	—	—	—	—
'Mdh-2'	1	—	—	—	—	—
	2	—	—	—	—	—
'Mdh-3'	—	—	—	—	—	—
'Tpi-1'	—	—	—	—	—	—
'Tpi-2'	1	—	—	—	—	—
	2	—	—	—	—	—
'Tpi-3'	1	—	—	—	—	—
	2	—	—	—	—	—
	3	—	—	—	—	—
N	62	49	5	6	27	199

Fig. 4. Isozyme multilocus phenotypes observed in 288 plants of *C. alpinum*, *C. nigrescens*, and putative hybrids from Leirtjørnkollen, southern Norway. Supposedly homomeric enzyme bands are numbered sequentially with the most anodally migrating band labeled "1". Dosage intensities are not scored. N – number of plants



Cerastium alpinum

Isozyme evidence for hybridization between *Potamogeton natans* and *P. nodosus* (Potamogetonaceae) in Britain

PETER M. HOLLINGSWORTH

I.B.L.S., Botany Building, University of Glasgow, Glasgow, G12 8QQ

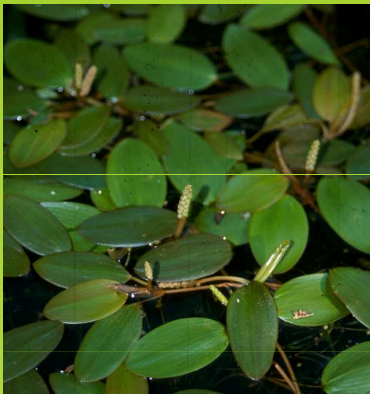
CHRISTOPHER D. PRESTON

Institute of Terrestrial Ecology, Monks Wood, Abbots Ripton, Huntingdon, PE17 2LS

AND

RICHARD J. GORNALL, F.L.S.

Botany Department, University of Leicester, Leicester, LE1 7RH



Potamogeton nodosus



Potamogeton natans



Potamogeton x fluitans



Potamogeton lucens

Detekce hybridogeneze 8. isozymové patterns

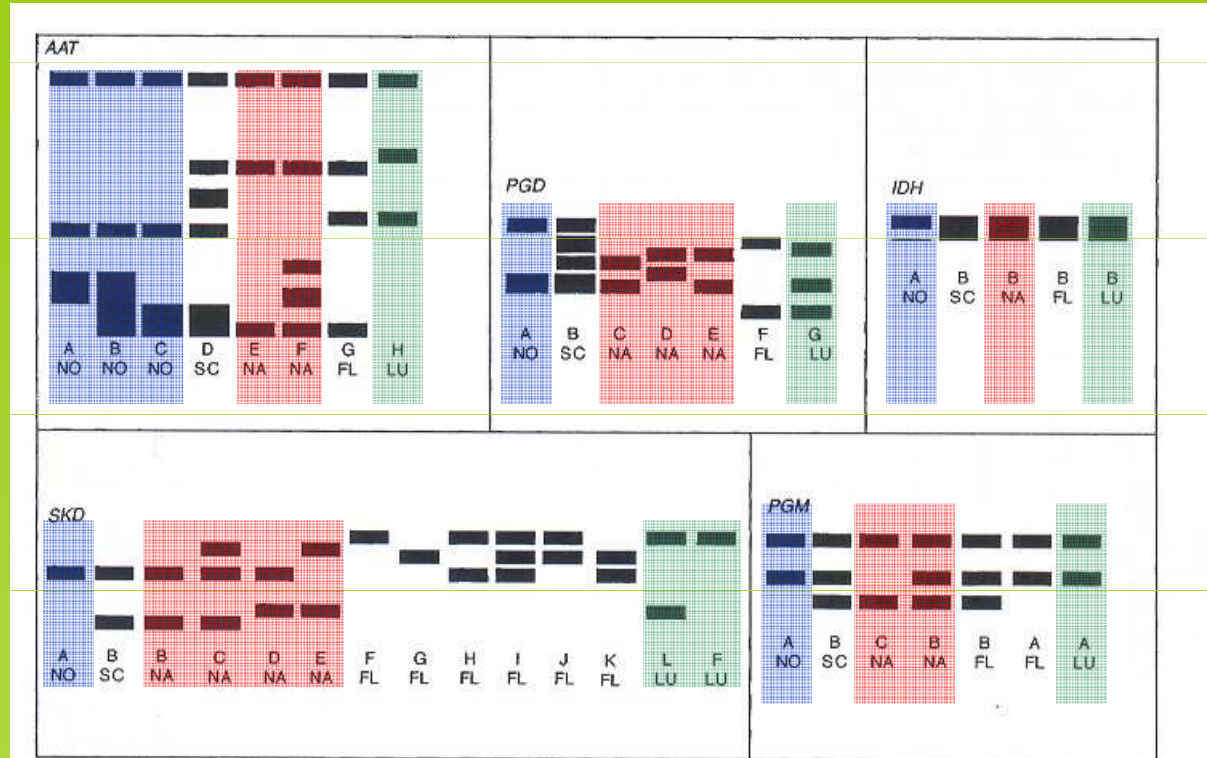


Figure 1. Isozyme phenotypes for AAT, PGD, IDH, SKD and PGM. Letters of the alphabet designate individual phenotypes for each isozyme. FL = *Potamogeton* × *fluitans*, LU = *P. lucens*, NA = *P. natans*, NO = *P. nodosus*, SC = *P. × schreberi*.

Detekce hybridogeneze 8. isozymové patterns

- dále také u kříženců a allopolyploidů v rodu *Iris* (Arnold et al. 1990a)

Photo: Rodney Barton



Iris fulva

Photo: Iris City Gardens



Iris nelsonii



Iris hexagona

Detekce hybridogeneze 9. RAPD

American Journal of Botany 85(10): 1468-1476. 1998.

EVIDENCE FOR THE HYBRID ORIGIN OF *NUPHAR* × *RUBRODISCA* (NYMPHAEACEAE)¹

DONALD J. PADGETT,^{2,3} DONALD H. LES,⁴ AND GARRETT E. CROW⁵

³Department of Biology, Southwest Missouri State University, Springfield, Missouri 65804-0095;

⁴Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Connecticut, Storrs, Connecticut 06269-3042; and

⁵Department of Plant Biology, University of New Hampshire, Durham, New Hampshire 03824

Nuphar (Padgett et al. Am. J. Bot., 85: 1468-1476, 1998),

ADG *Nuphar microphylla*
BEH *Nuphar* × *rubrodisca*
CFI *Nuphar variegata*

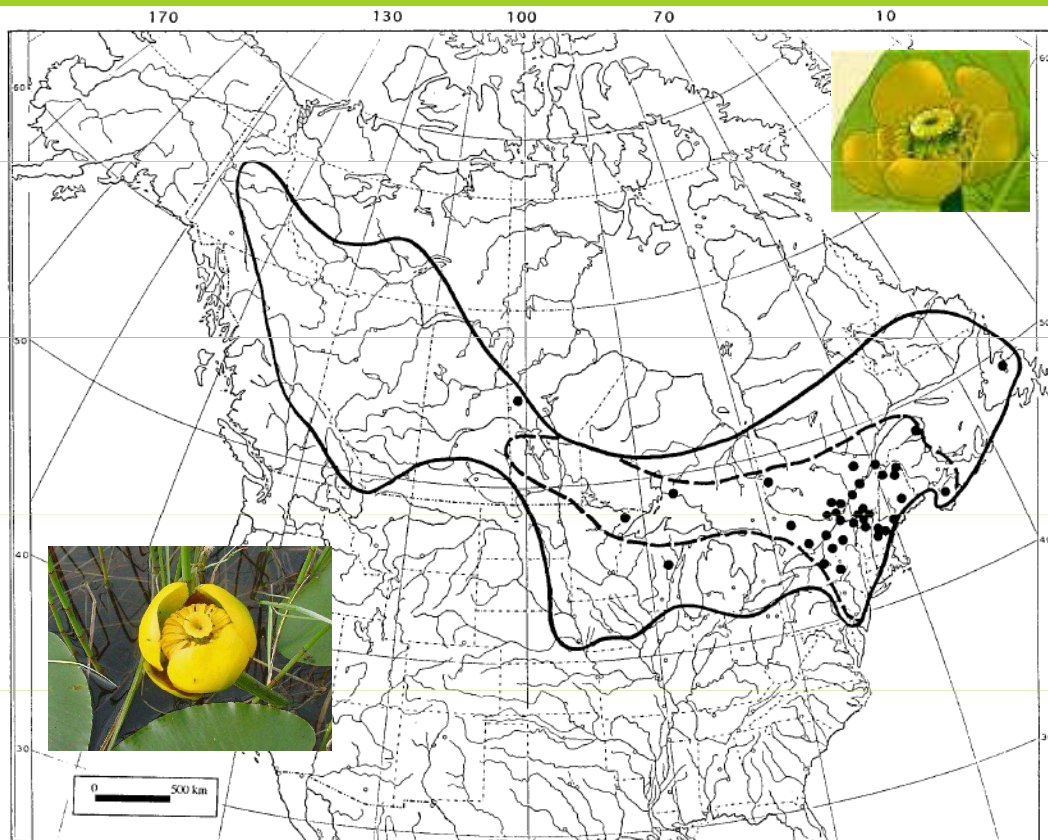


Fig. 1. Distribution of *Nuphar microphylla* (dashed line), *N. x rubrodisca* (circles), and *N. variegata* (solid line).

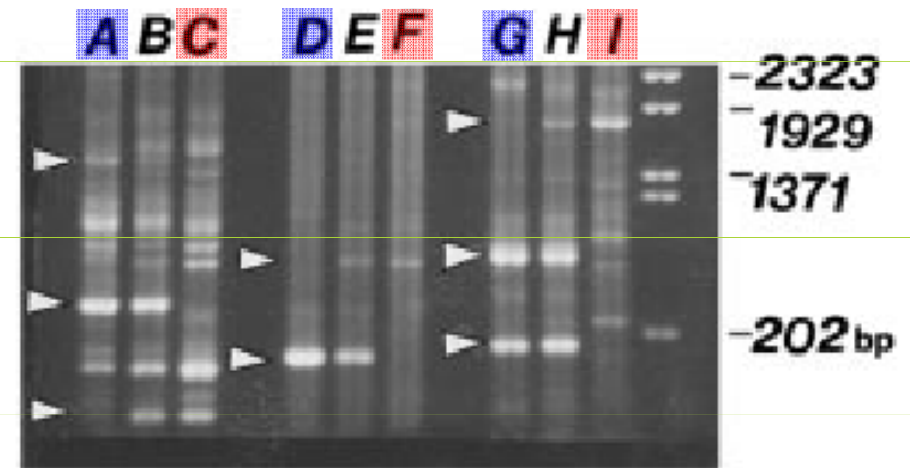


Fig. 3. Amplified bands of *Nuphar* DNA with three different 10-mer primers. Lanes C, F, and I are *N. variegata* (DNA templates from Padgett 491, 488, and 491, respectively). Lanes B, E, and H are *N. x rubrodisca* (Padgett 481, 481, and 479, respectively). Lanes A, D, and G are *N. microphylla* (Padgett 397). Refer to Appendix 3 for information regarding collection numbers. Bands in lanes A-C were produced from primer OPF-4, lanes D-F from primer OPF-3, and G-I from primer OPF-2. Arrows indicate species-specific bands of either *N. variegata* or *N. microphylla* present in *N. x rubrodisca*.

Detekce hybridogeneze 10. nukleotidový polymorfismus ITS nuclear ribosomal DNA Internal Transcribed Spacer

American Journal of Botany 86(9): 1282–1289. 1999.

MOLECULAR EVIDENCE FOR ALLOPOLYPLOID SPECIATION AND A SINGLE ORIGIN OF THE NARROW ENDEMIC *DRABA LADINA* (BRASSICACEAE) ¹

ALEX WIDMER² AND MATTHIAS BALTISBERGER

Geobotanisches Institut ETH, Zollikerstr. 107, CH-8008 Zürich, Switzerland



Draba dubia
2n=16

Draba tomentosa
2n=16



Draba aizoides
2n=16

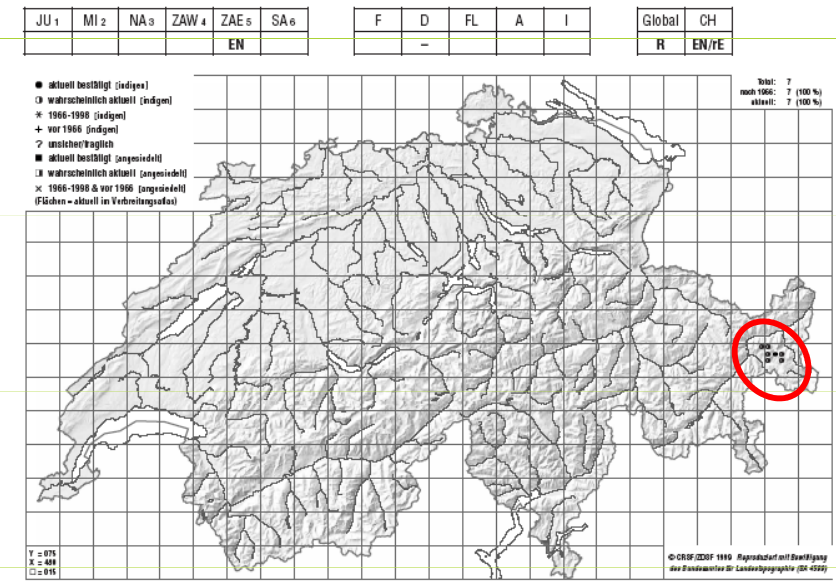
potenciální
----- rodiče -----
rozšíření: Alpy



Draba ladina, 2n=32

polyploidní
stenoendemit
hybridogenní původ?

EN *Draba ladina* BRAUN-BLANQ. – Ladiner Hungerblümchen – Brassicaceae

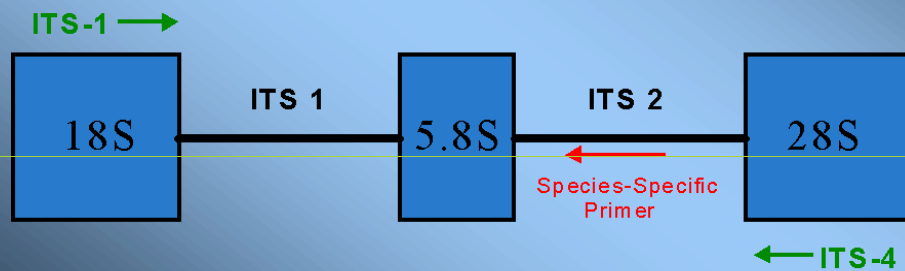


MOLECULAR EVIDENCE FOR ALLOPOLYPLOID SPECIATION AND A SINGLE ORIGIN OF THE NARROW ENDEMIC *DRABA LADINA* (BRASSICACEAE) ¹

ALEX WIDMER² AND MATTHIAS BALTISBERGER

Geobotanisches Institut ETH, Zollikerstr. 107, CH-8008 Zürich, Switzerland

Ribosomal Gene Region



ITS = Internal Transcribed Spacer

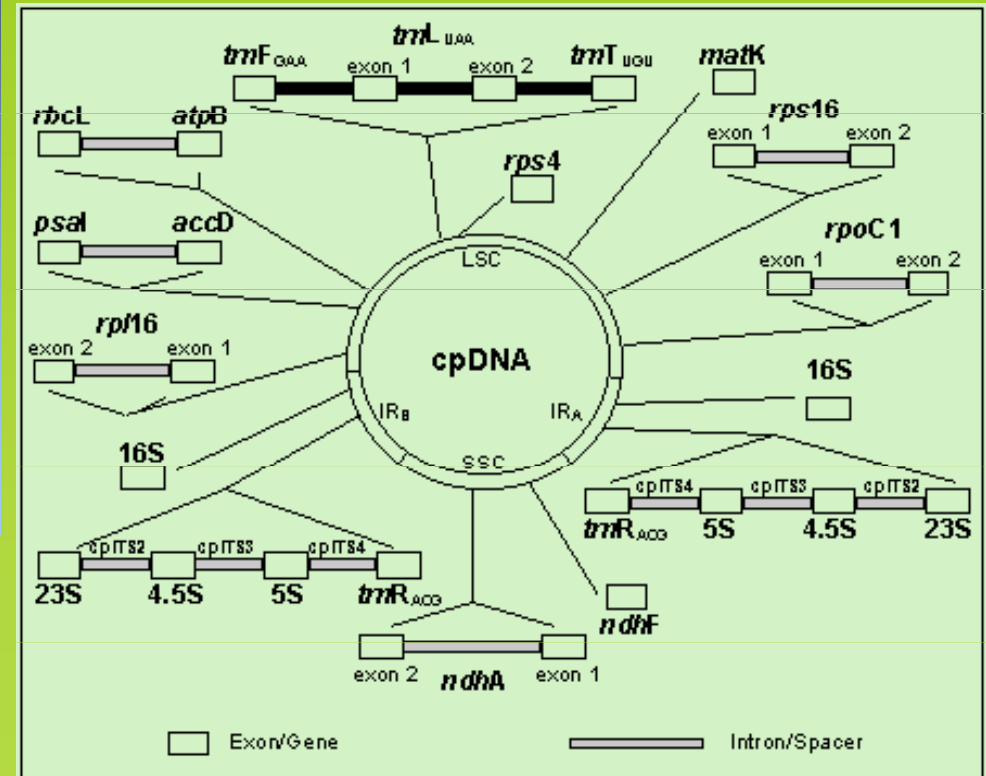
ITS

z jaderné DNA

Metoda: ITS + trnL
amplifikace, klonování,
sekvenování

trnL

z chloroplastové DNA



**MOLECULAR EVIDENCE FOR ALLOPOLYPLOID
SPECIATION AND A SINGLE ORIGIN OF THE NARROW
ENDEMIC *DRABA LADINA* (BRASSICACEAE) ¹**

ALEX WIDMER² AND MATTHIAS BALTISBERGER

Geobotanisches Institut ETH, Zollikerstr. 107, CH-8008 Zürich, Switzerland

Sampling:

Draba aizoides: 54 individuals / 17 populations

Draba ladina: 10 individuals / 2 populations

Draba tomentosa: 10 individuals / 2 populations

Draba dubia: 7 individuals / 2 populations

Izolace DNA:

z herbářového materiálu nebo z materiálu v silikagelu

Sekvenování opakované (např. *D. ladina*: 20 klonů)

MOLECULAR EVIDENCE FOR ALLOPOLYPLOID SPECIATION AND A SINGLE ORIGIN OF THE NARROW ENDEMIC *DRABA LADINA* (BRASSICACEAE) ¹

ALEX WIDMER² AND MATTHIAS BALTISBERGER

Geobotanisches Institut ETH, Zollikerstr. 107, CH-8008 Zürich, Switzerland

TABLE 2. Matrix of variable sites (30) for ITS 1, 5.8S rDNA, and ITS 2 sequences of *D. ladina* (genotypes DL-A and DL-B), *D. aizoides*, *D. dubia*, and *D. tomentosa* (genotypes DT-A and DT-B). Sequences are numbered from position 1 with reference to the *D. aizoides* sequence (GenBank accession number AF120721). Only nucleotides that differ from the *D. aizoides* genotype are shown. Dots (.) indicate that the character state is the same as for *D. aizoides*. A dash (-) indicates a 1-bp insertion/deletion mutation.

Species	Genotypes	Variable nucleotide position																			
		46	51	75	112	174	191	227	382	384	392	416	426	450	473	482					
<i>D. aizoides</i>		A	G	G	C	A	A	C	C	A	G	G	A	C	G	G					
<i>D. dubia</i>		G	A	T	T	C	.	T	T	T	A	C	T	.	A	A					
<i>D. ladina</i>	DL-A	G	T	T	T	C	.	T	T	T	A	C	T	.	A	A					
<i>D. ladina</i>	DL-B	G	T	T	T	C	C	T	T	T	A	C	T	.	A	A					
<i>D. tomentosa</i>	DT-A	G	T	T	T	C	.	T	T	T	A	C	T	.	A	A					
<i>D. tomentosa</i>	DT-B	G	T	T	T	C	.	T	T	T	A	C	T	.	A	A					
		490	492	499	504	520	523	528	544	551	554	561	570	594	624	625					

Výsledky

2 typy ITS => identifikace rodičů

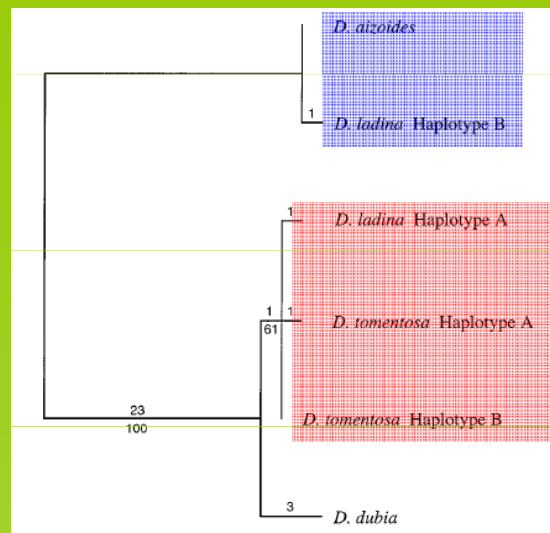


Fig. 2. Single most-parsimonious tree derived from the analysis of 636-bp ITS sequences of *D. aizoides*, *D. dubia*, and *D. tomentosa*. The tree is rooted at the midpoint. Numbers above branches indicate the number of base substitutions. Bootstrap support is given as percentages based on 1000 bootstrap replications below branches. Tree length = 30, consistency index = 1.00, g_i = -2.02 (*P* < 0.01).

TABLE 3. Matrix of variable sites (46) for cpDNA haplotypes of *D. aizoides*, *D. ladina*, *D. dubia*, and *D. tomentosa*. Sequences are numbered beginning at position 1 with reference to the *D. aizoides* DA1 sequence (GenBank accession number AF120727). Only nucleotides that differ from the DA1 haplotype are shown. Dots (.) indicate that the character state is the same as for DA1. A dash (-) indicates a 1-bp insertion/deletion mutation. I1 to I5 indicate the position of multi-bp insertion/deletion mutations, with 0 indicating a deletion and 1 the presence of an insertion.

Species	Haplotype	Variable nucleotide position																													
		57	128	131	132	138	145	152	202	213	233	266	267	360	I1	408	409	410	423	424	446	447	448	470							
<i>D. aizoides</i>	DA1	C	G	T	A	G	C	C	A	T	A	T	A	A	0	-	-	T	C	T	T	T	-	A							
<i>D. aizoides</i>	DA2	T	0	-	-							
<i>D. aizoides</i>	DA3	0	-	-							
<i>D. aizoides</i>	DA4	T	A	C	C	.	G	A	G	C	C	T	C							
<i>D. aizoides</i>	DA5	T	.	C	.	A	G	A	G	C	C	G	C							
<i>D. aizoides</i>	DA6	0	-	-							
<i>D. aizoides</i>	DA7	T	A	C	C	.	G	A	G	C	C	.	.	.	0	-	-	T	C							
<i>D. aizoides</i>	DA8							
<i>D. aizoides</i>	DA9							
<i>D. ladina</i>	DL	T	.	C	.	A	G	A	G	C	C	G	.	.	0	-	-							
<i>D. dubia</i>	DD1	T	.	C	.	A	G	A	G	C	C	G	.	.	I1	A	C	.	G							
<i>D. dubia</i>	DD2	T	.	C	.	A	G	A	G	C	C	G	.	.	I2	A	C							
<i>D. tomentosa</i>	DT1	T	.	C	.	A	G	A	G	C	C	G	.	.	T	0	A	C							
<i>D. tomentosa</i>	DT2	T	.	C	.	A	G	A	G	C	C	G	.	.	0	-	C							
<i>D. tomentosa</i>	DT3	T	.	C	.	A	G	A	G	C	C	G	.	.	0	-	A	C	.	T							
<i>D. tomentosa</i>	DT4	T	.	C	.	A	G	A	G	C	C	G	.	.	0	-							

- ¹ CCCATCCCCAACTAT
- ² CCCATCTATCCCCAACTAT
- ³ CAAATGAGAGAT
- ⁴ CAAATGAGAAAT
- ⁵ ATAGA
- ⁶ ATCATT
- ⁷ CTAATT

1 typ trnL => (i) identifikace matky, (ii) k allopolyploidizaci došlo 1x

MOLECULAR EVIDENCE FOR ALLOPOLYPLOID
SPECIATION AND A SINGLE ORIGIN OF THE NARROW
ENDEMIC *DRABA LADINA* (BRASSICACEAE)¹

ALEX WIDMER² AND MATTHIAS BALTISBERGER

Geobotanisches Institut ETH, Zollikerstr. 107, CH-8008 Zürich, Switzerland

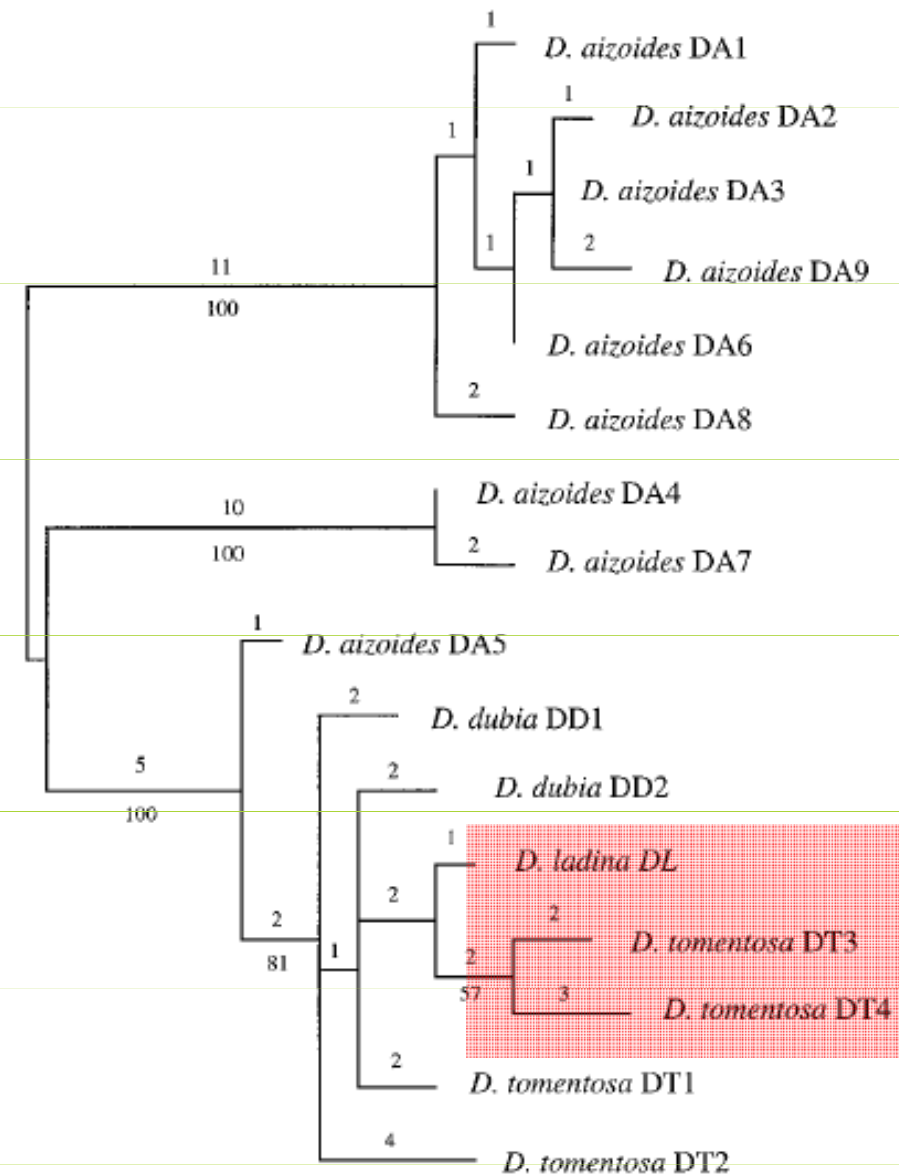


Fig. 3. One out of four most-parsimonious trees based on 813 cpDNA characters (including indels) of *D. aizoides*, *D. dubia*, *D. ladina*, and *D. tomentosa*. The tree is rooted at the midpoint. Numbers above branches indicate the number of base substitutions. Bootstrap support is given as percentages based on 1000 bootstrap replications below branches if support is over 50%. Tree length = 61, consistency index = 0.82, $g_1 = -0.58$ ($P < 0.01$).

THE USE OF DNA SEQUENCING (ITS AND *trnL-F*), AFLP, AND FLUORESCENT IN SITU HYBRIDIZATION TO STUDY ALLOPOLYPLOID *MISCANTHUS* (POACEAE)¹

TREVOR R. HODKINSON,^{2,3,5} MARK W. CHASE,² CHIGUSA TAKAHASHI,⁴ ILIA J. LEITCH,² MICHAEL D. BENNETT,² AND STEPHEN A. RENVOIZE²

¹Royal Botanic Gardens, Kew, Richmond Surrey, TW9 3AB UK; ²Department of Botany, University of Dublin, Trinity College, Dublin 2, Ireland; and ⁴Faculty of Education and Regional Sciences, Tottori University, Tottori 680-8551 Japan



Miscanthus sacchariflorus

2n=2x=38



Miscanthus sinensis

2n=38 or 76

Detekce hybridogeneze 10. nukleotidový polymorfismus ITS

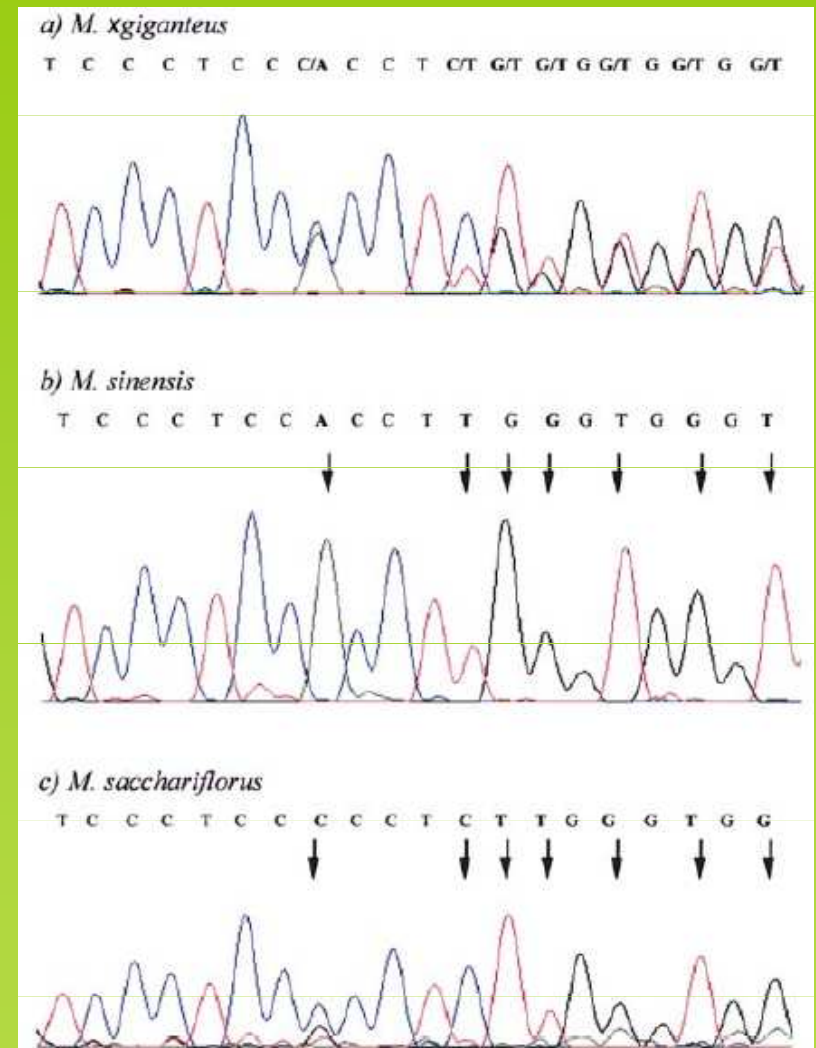


Fig. 3. Internal transcribed spacer sequences of *M. ×giganteus* (23) and its putative parental species. (a) Sequence of *M. ×giganteus* showing a number of polymorphic sites. (b–c) The corresponding sites in the two putative parental species (*M. sinensis* [5] and *M. sacchariflorus* [61], respectively) are shown by arrows. In each case where there is sequence heterogeneity in *M. ×giganteus*, the variation can be explained by examining the sequence of the parental species.

Molecular confirmation of *Potamogeton* × *bottnicus*
(*P. pectinatus* × *P. vaginatus*, Potamogetonaceae) in
Britain



R. A. KING¹, R. J. GORNALL^{1*}, C. D. PRESTON² and J. M. CROFT²

¹Department of Biology, University of Leicester, Leicester, LE1 7RH; ²Centre for Ecology & Hydrology, Monks Wood, Abbots Ripton, Huntingdon, PE28 2LS



©2002, Gary Fewless

Potamogeton pectinatus



Potamogeton vaginatus

Detekce hybridogeneze 10b. RFLP - ITS

Metoda: ITS sekvenování rodičovských druhů,
volba druhově specifické restriktázy, PCR-RFLP
amplifikovaných ITS hybrida a rodičů

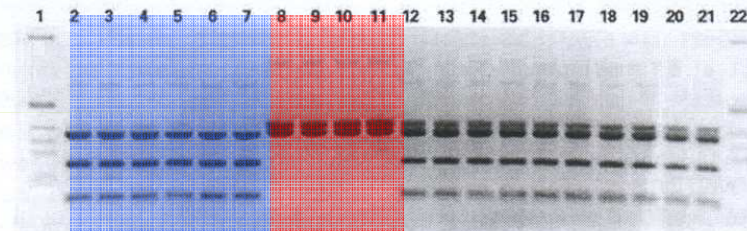


Figure 1. Restriction digest showing interspecific variation for the ITS F-ITS 4 PCR product digested with *CfoI* for three *Potamogeton* taxa. Lanes 1 and 22: 1 Kb DNA Ladder (Gibco); lanes 2–3: *P. pectinatus* (Sweden, Tindered); lanes 4–5: *P. pectinatus* (Sweden, Hudiksvall); lanes 6–7: *P. pectinatus* (England, River Tweed); lanes 8–10: *P. vaginatus* (Sweden, Rödihällen); lane 11: *P. vaginatus* (Finland, Raahe); lanes 12–16: *P. × bottnicus* (England, River Till); lanes 17–21: *P. × bottnicus* (England, River Tweed).

Recent natural hybridization between two allopolyploid wheatgrasses (*Elytrigia*, Poaceae): ecological and evolutionary implications

Václav Mahelka, Judith Fehrer, František Krahulec, Vlasta Jarolímová

Institute of Botany, Academy of Sciences of the Czech Republic, 25243 Příhonice, Czech Republic

Detekce hybridogeneze 10c. RFLP - ITS

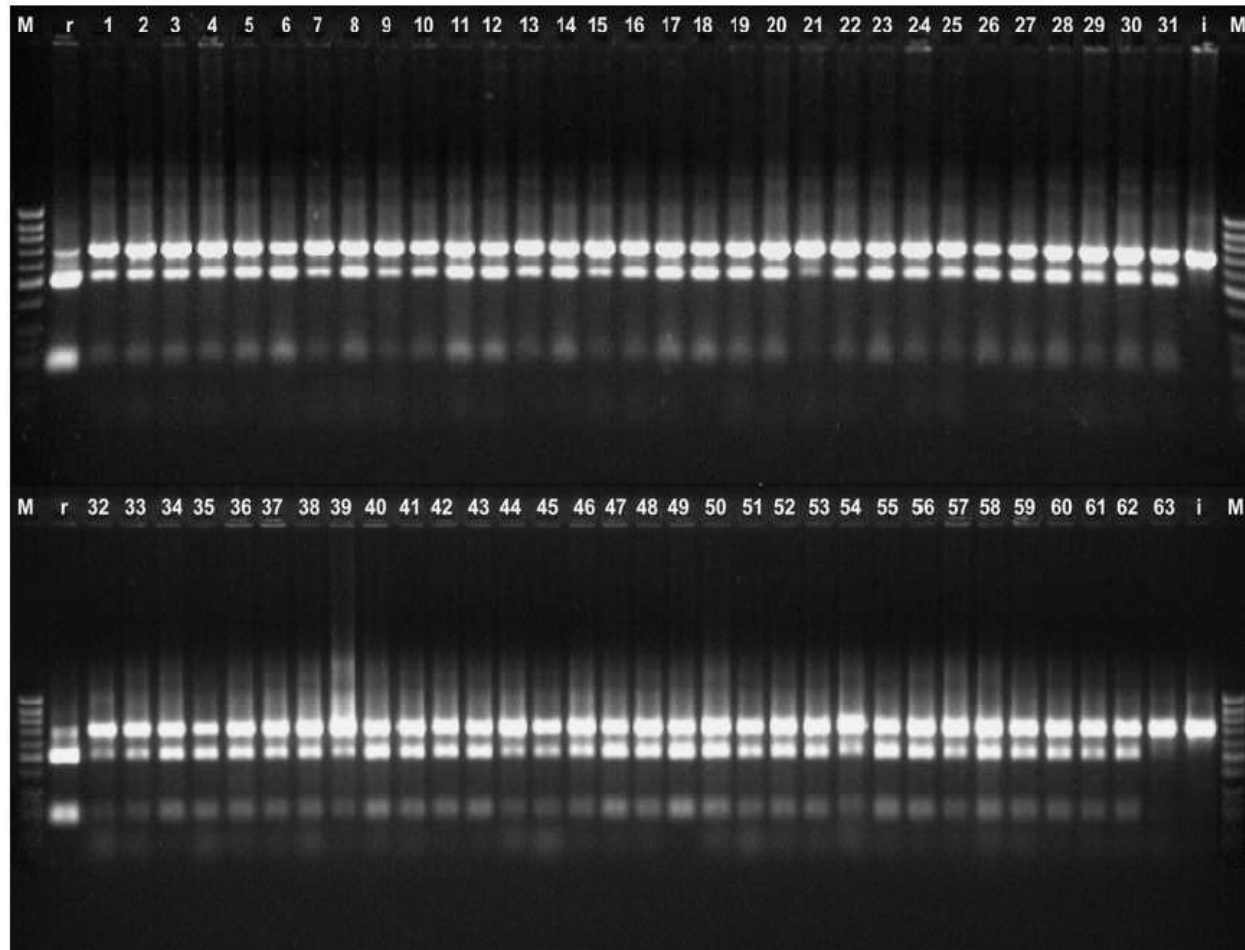


Fig. 2 *Sma*I ITS-RFLP of hexaploid *E. repens* × *E. intermedia* hybrids. Samples are ordered according to their genome size. Letters r and i refer to reference samples of *E. repens* and *E. intermedia*. Approximate lengths of the fragments are 650, 470, and 180 bp.

Detekce hybridogeneze 10c. RFLP - ITS

Recent natural hybridization between two allopolyploid wheatgrasses (*Elytrigia*, Poaceae): ecological and evolutionary implications

Václav Mahelka, Judith Fehrer, František Krahulec, Vlasta Jarolímová

Institute of Botany, Academy of Sciences of the Czech Republic, 25243 Příhonic, Czech Republic

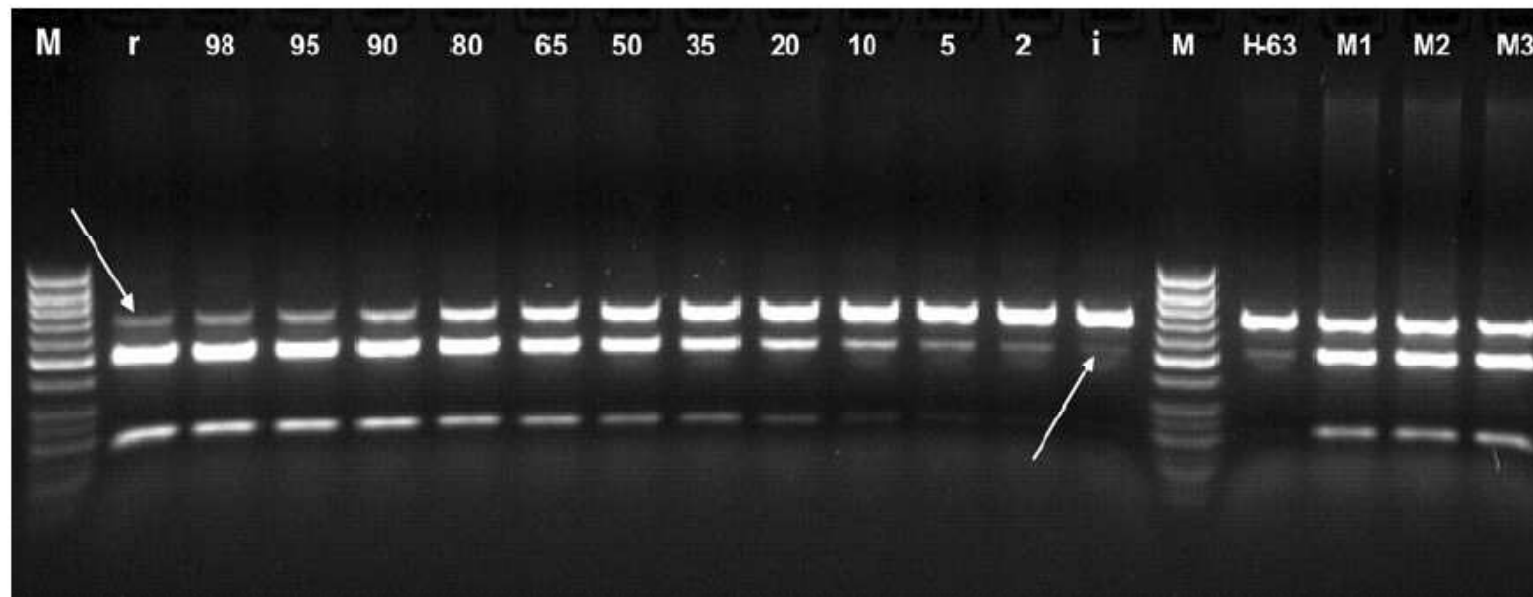
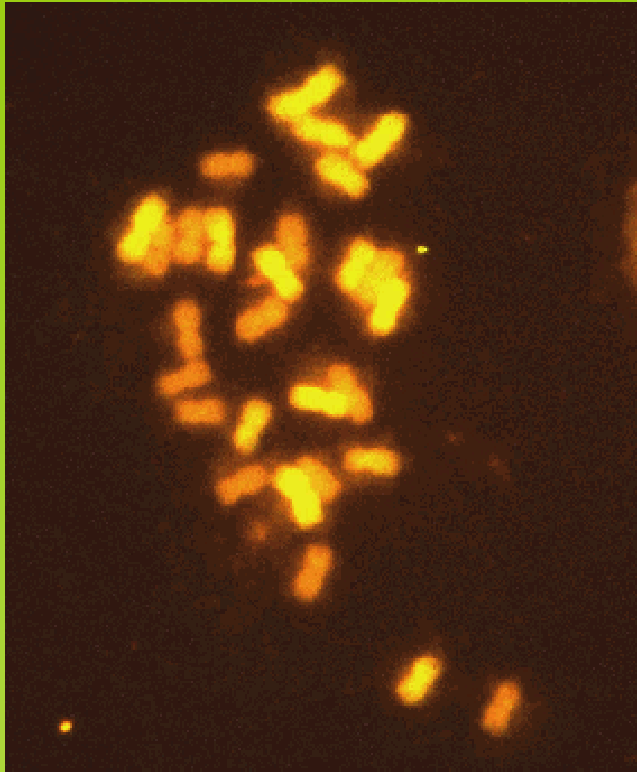


Fig. 3 *Sma*I ITS-RFLP of artificial PCR mixtures and hybrid H-63. From left: PCR products of both parents mixed in different ratios (numbers indicate proportion (percent) of *E. repens* in each sample; letters r and i refer to reference samples of *E. repens* and *E. intermedia*); hexaploid hybrid H-63; M-1 – M-3: *Sma*I ITS-RFLP of PCR amplifications with equal amounts of mixed parental DNAs. For arrows see text (Results). Approximate lengths of the fragments are 650, 470, and 180 bp.

Detekce hybridogeneze **11: GISH**



GISH in an
allotetraploid
grass ($2n = 28$)

- *pratensis*
(AAA'A') using
probe from
autotetraploid

A. geniculatus
(AAAA).

Sequences with
homology to A
stain yellow



Detekce hybridogeneze **11: GISH**

x *Festulolium loliaceum*



Festuca chromosomy: žlutě
Lolium chromosomy: zeleně
(Thomas et al., 1994).

Festuca pratensis



Lolium multiflorum

Detekce hybridogeneze 11: **GISH**

Annals of Botany 84: 39–48, 1999

Article No. anbo.1999.0893, available online at <http://www.idealibrary.com> on IDEAL®



Confirmation of Ancient Polyploidy in *Dahlia* (Asteraceae) Species using Genomic *In Situ* Hybridization

MELANIE GATT*, KEITH HAMMETT† and BRIAN MURRAY*‡

*School of Biological Sciences, The University of Auckland, Private Bag 92019, Auckland, New Zealand and

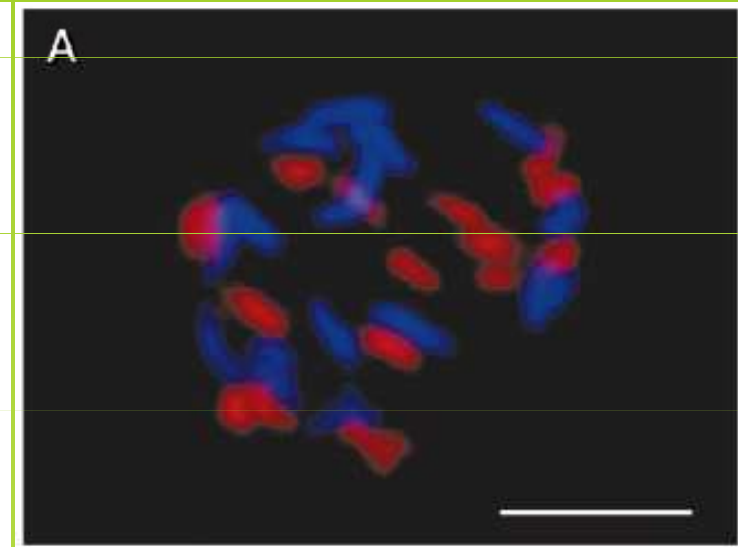
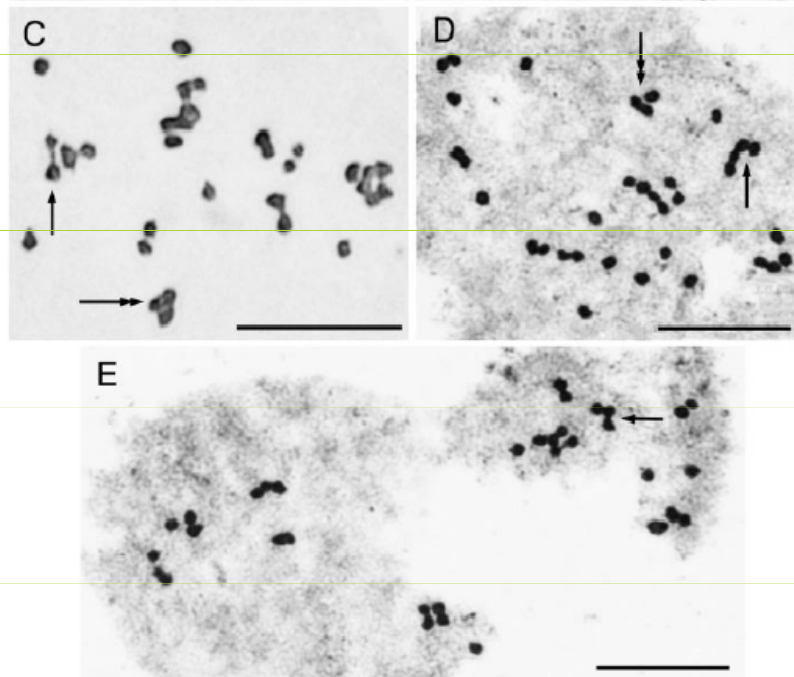
†Hammett Plant Breeding Ltd., 488C Don Buck Road, Massey, Auckland 8, New Zealand



Dahlia dissecta
 $2n=34$



Dahlia sherffii
 $2n=32$

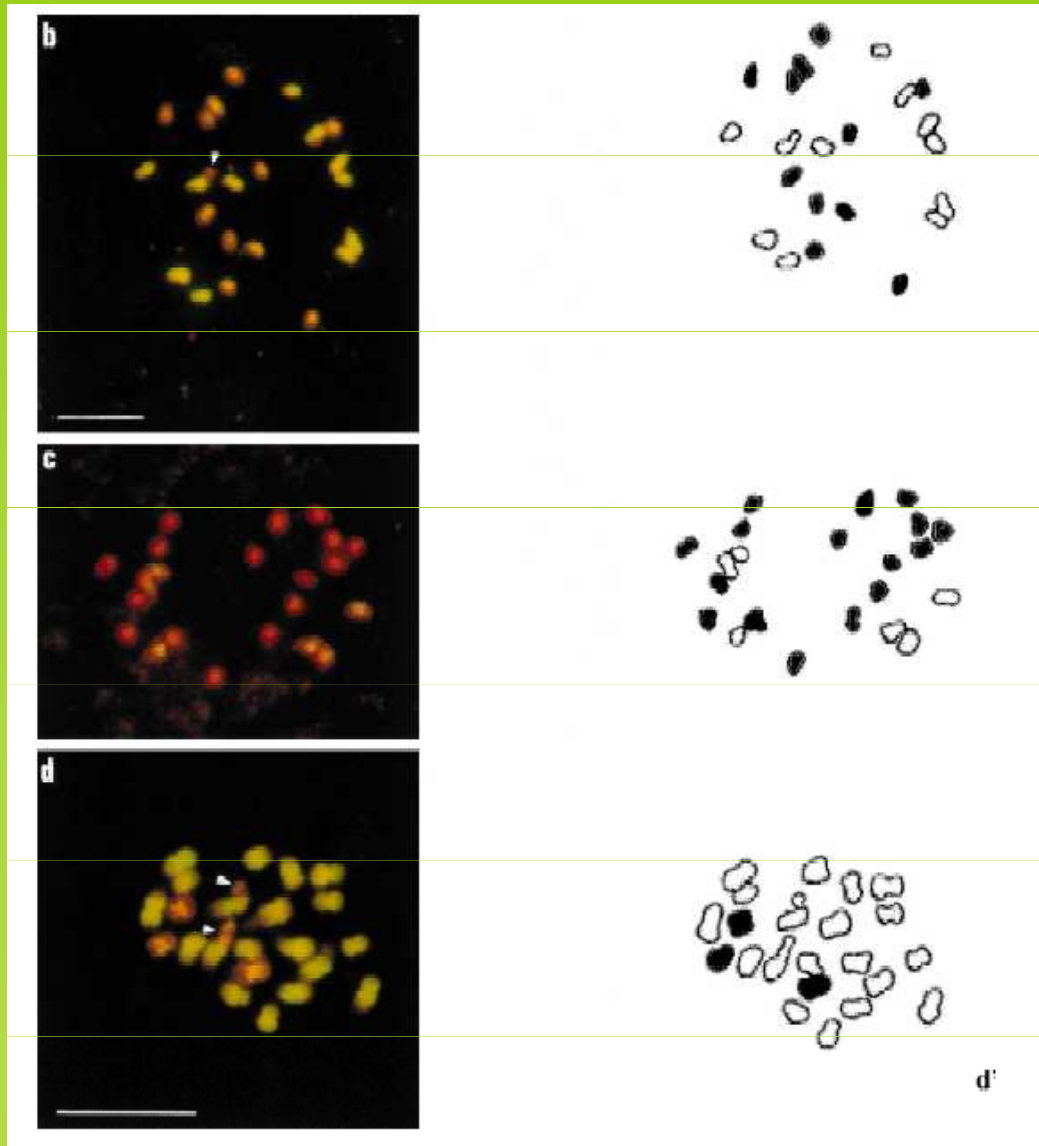


GISH of hybrid = 17 red chromosomes of *Dahlia dissecta* x 16 blue chromosomes of *D. sherffii*

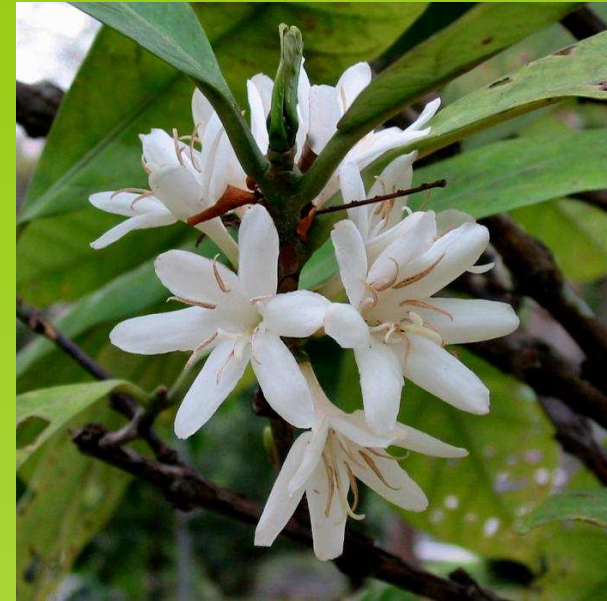
FIG. 3. Analysis of the two interspecific hybrids. A, Mitotic spread of 96/41 with $2n = 33$. B, Mitotic spread of 96/89 with $2n = 35$. C, Meiotic metaphase I in 96/41 showing a heteromorphic bivalent (arrow) and a trivalent (double arrow head). D, Meiotic metaphase I in 96/89 showing a quadrivalent (arrow) and the non-chiasmate association between a bivalent and a univalent (double arrow head). E, Meiotic metaphase I in 96/89 showing a trivalent (arrow). Bar = 10 μ m.

P. Barre · M. Layssac · A. D'Hont · J. Louarn
A. Charrier · S. Hamon · M. Noirot

Relationship between parental chromosomal contribution and nuclear DNA content
in the coffee interspecific hybrid *C. pseudozanguebariae* × *C. liberica* var 'dewevrei'



Detekce hybridogeneze 11: GISH



*Coffea
liberica*

Analýza G2 hybridů (F1 hybridi měli po 11
chromosomech od každého z rodičů s
 $2n=22$)

Fig. 1 **a** In situ hybridisation of the rDNA probe (pTA 71) detected with FITC to metaphase of *Coffea pseudozanguebariae* counterstained with DAPI. **b** Genomic in situ hybridisation to metaphase of the F₁ hybrid between *C. pseudozanguebariae* (fluoresced in red) and *C. liberica* var 'dewevrei' (fluoresced in yellow). **c**, **d** GISH to metaphase of G2 hybrids with 17 and 3 chromosomes of *C. pseudozanguebariae*, respectively. Arrows indicate rDNA sites. Bar: 10 μm. **b'**, **c'** and **d'** Schematic representation of Fig. 1b, c and d, respectively, showing the specific origin of the chromosomes, after correction for staining of rDNA sites. The black and white chromosomes correspond to chromosomes of *C. pseudozanguebariae* and *C. liberica* var 'dewevrei', respectively

Detekce hybridogeneze 13. **RFLP** (polymorfismus délky restrikčních fragmentů)

HYBRIDIZATION AMONG SYMPATRIC SPECIES OF
RHODODENDRON (ERICACEAE) IN TURKEY:
MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR EVIDENCE¹

RICHARD I. MILNE,^{2,4} RICHARD J. ABBOTT,² KIRSTEN WOLFF,^{2,5} AND
DAVID F. CHAMBERLAIN³

²School of Environmental and Evolutionary Biology, University of St Andrews, St Andrews, Fife KY16 9TH, UK; and
³Royal Botanic Garden, Inverleith Row, Edinburgh EH20 3LR, UK

Detekce hybridogeneze

13. RFLP

Rhododendron ponticum



Rhododendron caucasicum



Rhododendron ungeronii



Rhododendron smirnovii



TABLE 4. Ribosomal DNA restriction fragment profiles produced following digestion of extracts with *Dra*I and probing with pTa71. + indicates the presence of a band.

<i>Rhododendron</i> species	Code ^a	Fragment size (kb)					
		6.30	5.49	4.71 ^b	4.51	4.20	2.50
<i>ponticum</i>	P	+	—	—	—	+	—
<i>caucasicum</i>	C	—	+	+	—	—	—
<i>ungeronii</i>	U	—	+	—	+	—	—
<i>smirnovii</i>	S	—	+	+	—	—	+
<i>ponticum</i> + <i>caucasicum</i> ^c	P + C	+	+	+	—	+	—
<i>ponticum</i> + <i>ungeronii</i>	P + U	+	+	—	+	+	—
<i>ungeronii</i> + <i>smirnovii</i>	U + S	—	+	+	+	—	+
<i>smirnovii</i> + <i>caucasicum</i>	S + C	—	+	+	—	—	+

^a These letters represent this RFLP profile in Table 5.

^b This fragment is replaced by one of 4.84 kb in a specimen of *R. caucasicum* from R.B.G. Edinburgh.

^c An identical fragment profile might also be produced by a derivative of *R. ponticum* × *R. smirnovii* if the 2.50-kb fragment is no longer visible (see text).

Detekce hybridogeneze 14. AFLP (polymorfismus délky amplifikovaných fragmentů)

- např. při důkazu hybridity v populacích u rodů *Salix* (Beismann et al. Mol. Ecol., 6: 989-993, 1997),

Taraxacum (van der Hulst et al. Mol. Ecol., 9: 1-8, 2000),

Quercus (Ishida et al. Am. J. Bot., 90: 769-776, 2003).

Cardamine (Marhold et al. Bot. J. Linn. Soc., 139: 275-294, 2002),

Detekce hybridogeneze 14. AFLP (polymorfismus délky amplifikovaných fragmentů)



Acipenser naccarii



A. transmontanus

Molecular Ecology (2001) 10, 2355–2359

SHORT COMMUNICATION

Identification of interspecific hybrids by amplified fragment length polymorphism: the case of sturgeon

L. CONGIU,* I. DUPANLOUP,* T. PATARNELLO,†‡ F. FONTANA,* R. ROSSI,* G. ARLATI§ and L. ZANE†

*Dipartimento di Biologia — Università di Ferrara, Via L. Borsari 46, I-44100 Ferrara, Italy, †Dipartimento di Biologia, Università di Padova, Via Ugo Bassi 58/B, 35121, Padova, Italy, ‡Agripolis/Facoltà di Veterinaria, Università di Padova 35020, Legnaro (Pd), Italy, §Regione Lombardia, Ufficio Pesca, P.zza IV Novembre 5, 20124 Milano, Italy

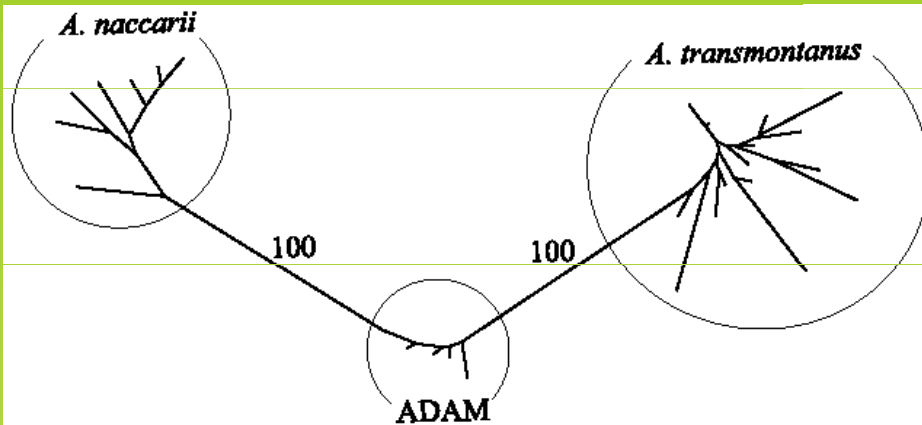


Fig. 2 Neighbour joining tree based on band sharing of 27 sturgeon analysed: seven *Acipenser naccarii*, 15 *A. transmontanus* and five ADAM (hybrids). Numbers are bootstrap values resulting from 1000 resampling processes.

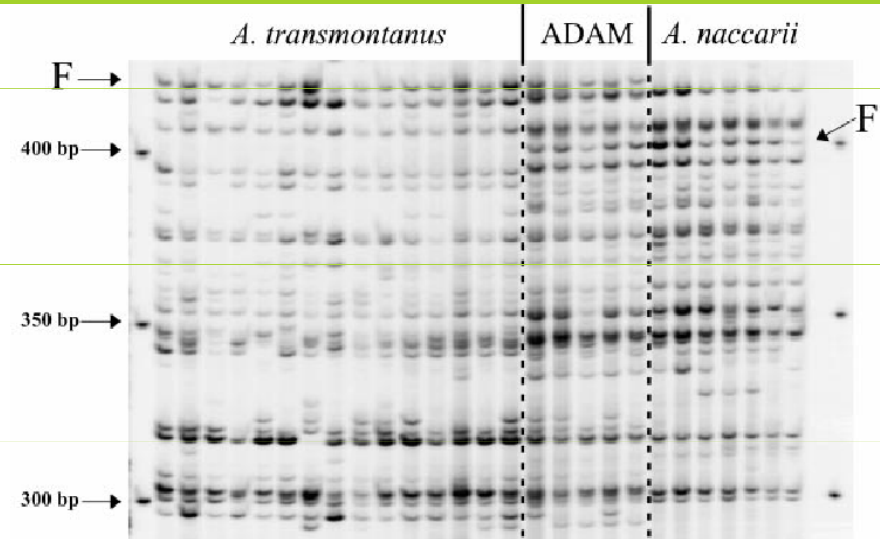


Fig. 1 Amplified fragment length polymorphism band patterns of ADAM hybrids and their parental species. F = examples of putative fixed bands.

Natural hybridization in *Cardamine* (Brassicaceae) in the Pyrenees: evidence from morphological and molecular data

KAROL MARHOLD^{FLS1,2*}, JUDITA LIHOVÁ¹, MARIÁN PERNÝ¹, RUDI GRUPE³ and BARBARA NEUFFER³

¹Institute of Botany, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 14, SK-842 23 Bratislava, Slovak Republic

²Department of Botany, Charles University, Benátská 2, CZ-128 01 Praha 2, Czech Republic

³Department of Systematic Botany, University of Osnabrück, Barbarastrasse 11, D-49076 Osnabrück, Germany



Cardamine raphanifolia



Cardamine amara

Sampling AFLP:

- C. crassifolia* 6 individuals / 2 populations
- C. amara* subsp. *pyrenaica* 7 individ. / 5 popul.
- C. amara* subsp. *amara* 5 individ. / 5 populat.
- C. amara* subsp. *austriaca* 3 individ. / 3 populat.
- C. amara* subsp. *olotensis* 3 individ. / 3 populat.
- C. raphanifolia* 3 individuals / 3 populations
- C. x enriquei* 5 individuals / 1 populations

Detekce hybridogeneze 14. AFLP

hybrid: *Cardamine x enriquei*
($2n=2x=16$) - methods: AFLP, pollen viability, morphological analysis

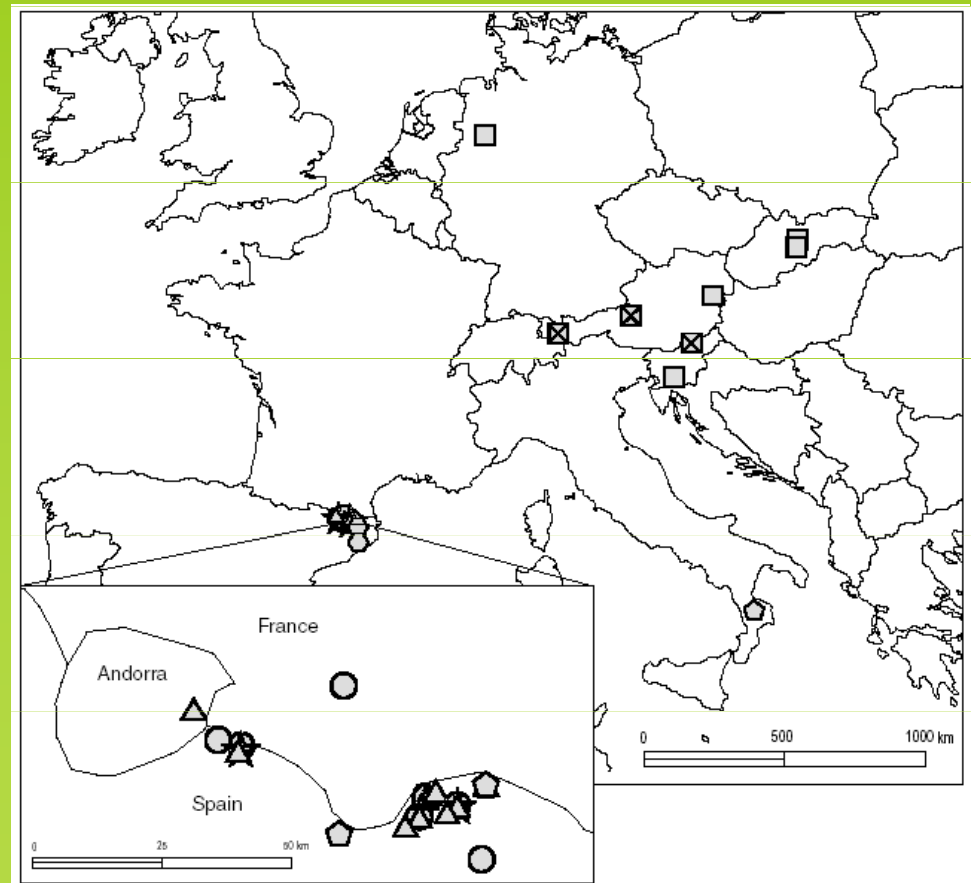


Figure 1. Map of distribution of sample sites of *Cardamine amara* ssp. *amara* (□), *C. amara* ssp. *austriaca* (⊗), *C. raphanifolia* (●), *C. amara* ssp. *olotensis* (⊙), *C. amara* ssp. *pyrenaica* (△), *C. crassifolia* (⊙), and *C. x enriquei* (★) (for sample site details see Table 1).

Natural hybridization in *Cardamine* (Brassicaceae) in the Pyrenees: evidence from morphological and molecular data

KAROL MARHOLD FLS^{1,2*}, JUDITA LIHOVÁ¹, MARIÁN PERNÝ¹, RUDI GRUPE³ and BARBARA NEUFFER³

¹Institute of Botany, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 14, SK-842 23 Bratislava, Slovak Republic

²Department of Botany, Charles University, Benátská 2, CZ-128 01 Praha 2, Czech Republic

³Department of Systematic Botany, University of Osnabrück, Barbarastrasse 11, D-49076 Osnabrück, Germany

Detekce hybridogeneze 14. AFLP

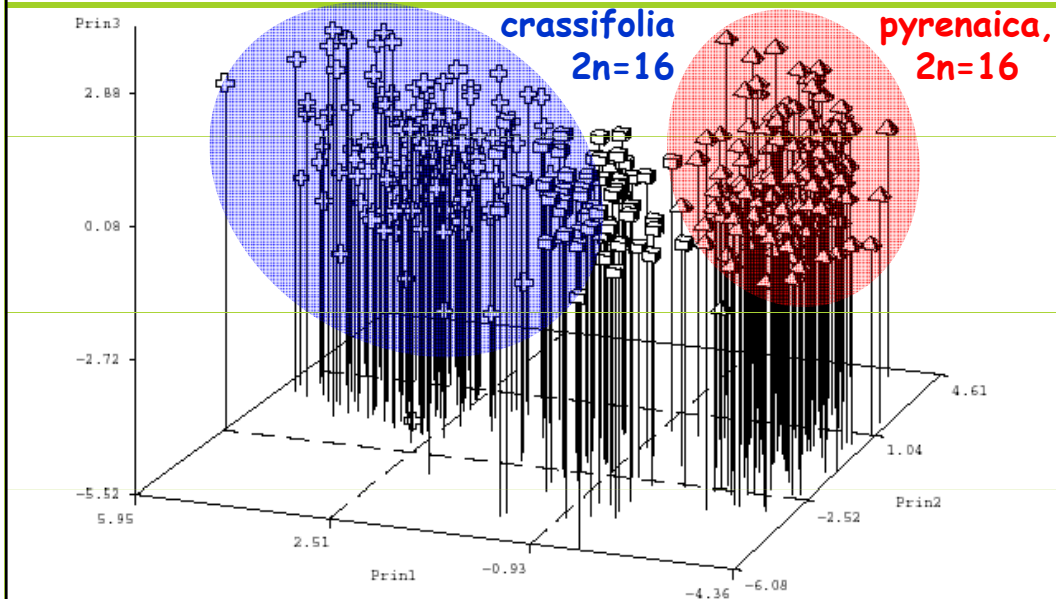


Figure 4. Principal component analysis based on 18 morphological characters of individuals of *C. crassifolia* (\oplus , $N = 157$), *C. amara* ssp. *pyrenaea* (\blacktriangle , $N = 141$), and their hybrid *C. xenriquei* (\boxtimes , $N = 58$).

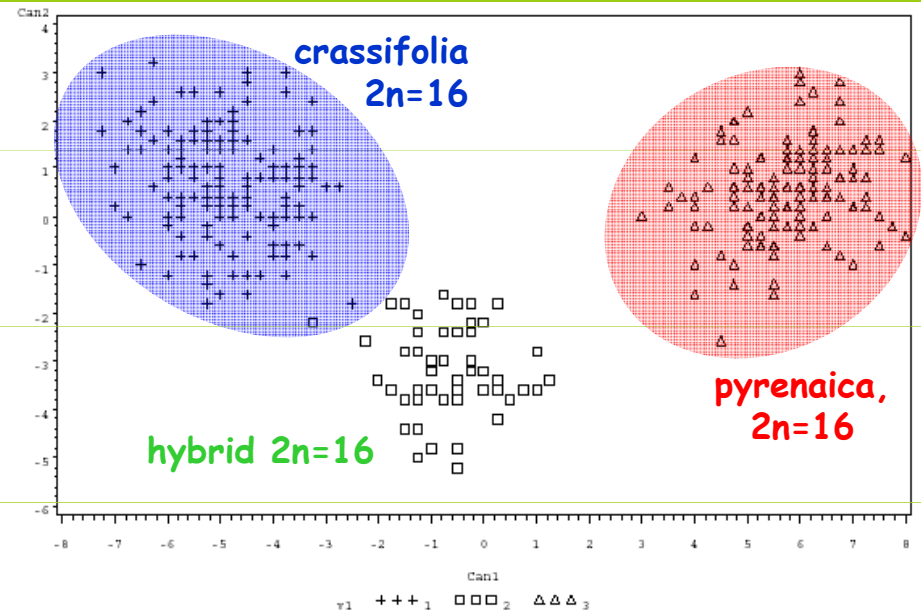


Figure 5. Canonical discriminant analysis based on 18 morphological characters of individuals of *C. crassifolia* ($+$, $N = 157$), *C. amara* ssp. *pyrenaea* (Δ , $N = 141$), and their hybrid *C. xenriquei* (\square , $N = 58$).

Results: morfometrická analýza

Detekce hybridogeneze 16.

PCR-RFLP cpDNA

POPULATION-SPECIFIC GENDER-BIASED HYBRIDIZATION BETWEEN *DRYOPTERIS INTERMEDIA* AND *D. CARTHUSIANA*: EVIDENCE FROM CHLOROPLAST DNA¹

LILIN XIANG,² CHARLES R. WERTH,² STACIE N. EMERY,³ AND DAVID E. MCCAULEY^{3,4}

²Department of Biological Sciences, Texas Tech University, Lubbock, Texas 79409 USA; and ³Department of Biology, Vanderbilt University, Nashville, Tennessee 37235 USA

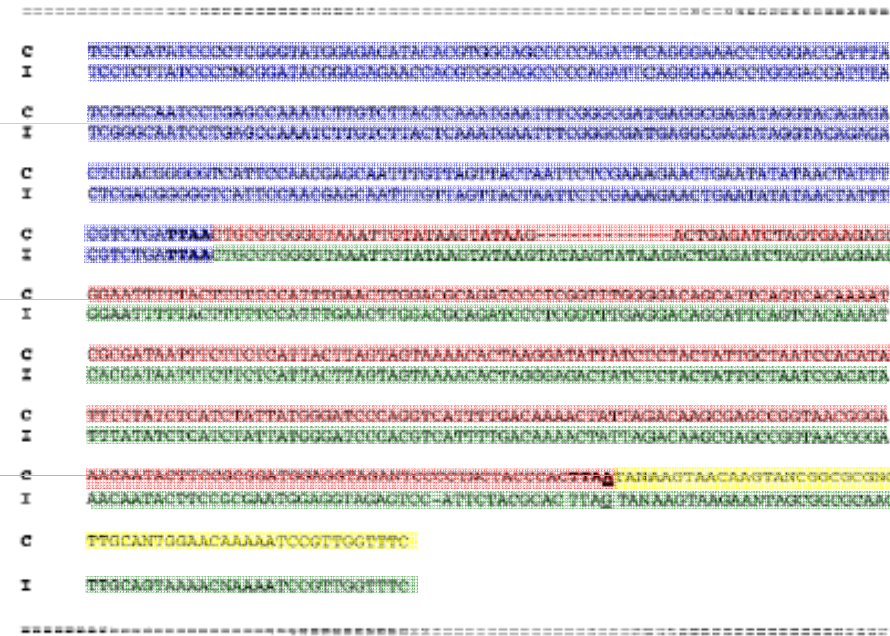


Fig. 1. Sequences of a portion of PCR-amplified *trnL* region in chloroplast genome compared between *Dryopteris intermedia* (I) and *D. carthusiana* (C). *Mse* I restriction sites are in boldface type; the base-pair substitution responsible for the diagnostic RFLP is underlined.

c i X X X X

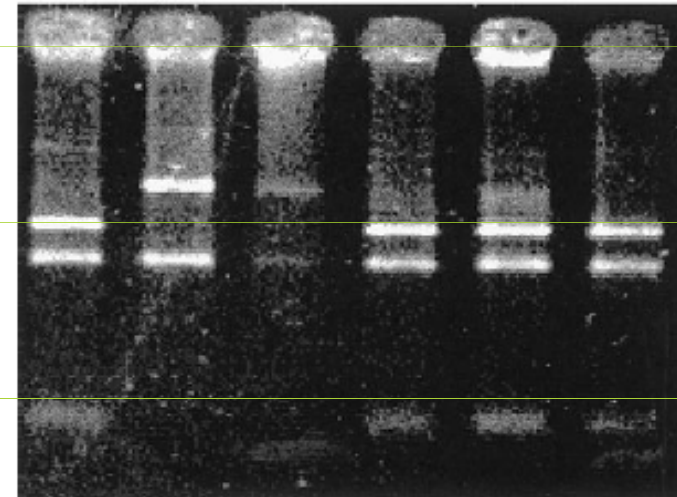
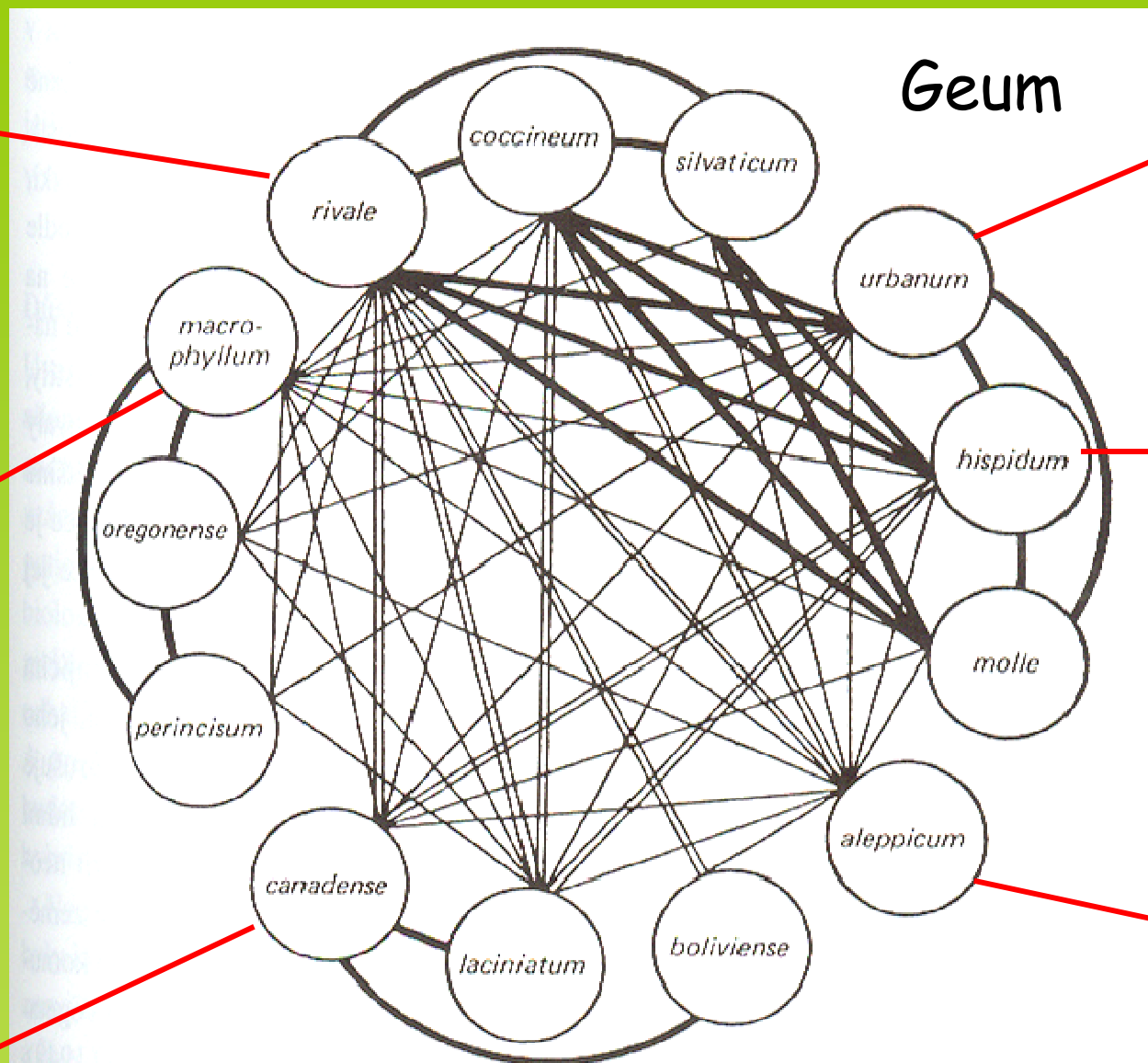


Fig. 2. RFLP band patterns resulting from *Mse* I digestion of PCR-amplified *trnL*. Note the three-banded pattern in *Dryopteris carthusiana* (c) that results from the presence of two restriction sites, in contrast to the two-banded pattern of *D. intermedia* (i) resulting from a single restriction site. Interspecific hybrids *D. Xtriploidea* (X) exhibit either *D. carthusiana* or *D. intermedia* patterns.

analýza hybrida mezi *Dryopteris intermedia* a *D. carthusiana* (Xiang et al. *Am. J. Bot.*, 87: 1175-1180, 2000); štěpení *trnL* úseku pomocí *Mse*I restriktázy - u kapradin se cpDNA nemusí dědit jen matroklinně, ale také po obou rodičovských liniích (Soltis & Soltis 1989, *Am. J. Bot.*, 50: 952-958). Analýza cpDNA pomáhá detekovat asymetrickou hybridizaci a asymetrickou introgresi tam, kde je hybrid prokázán jinými markery (Burges et al., *Mol. Ecol.* 14:3471-3483, 2005)

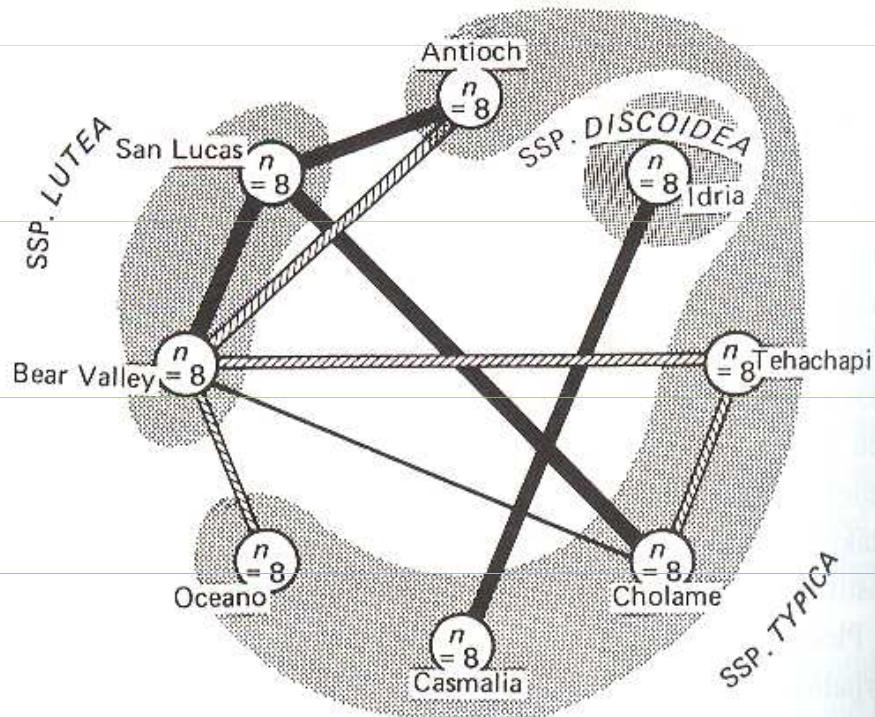


Praktické aspekty hybridizace 1: míra evoluční příbuznosti



Obr.11.8. Plodnost kříženců generace F₁ mezi různými hexaploidními druhy kuklíků (*Geum*). Silné čáry znázorňují plodné hybridy, dvojitě čáry částečně plodné hybridy, tenké čáry sterilní hybridy. (Gajewski, 1957)

Praktické aspekty hybridizace 1: alopatrická speciace



- F₁ plně fertílní, F₂ životné
- F₁ plně fertílní, F₂ se sníženou životností
- ▨ F₁ částečně sterílní, F₂ se sníženou životností
- ⋯ Hranice poddruhů

Obr.11.1. Diagram vnitrodruhové křížitelnosti láji žláznaté (*Layia glandulosa*). Z knihy Clausen (1951): *Stages in the evolution of plant species*. Použito se svolením vydavatele, Cornell University Press, © 1951, Cornell University Press.

Praktické aspekty hybridizace 2: šlechtitelská praxe

Musa acuminata (Asian Banana) × *Musa balbisiana* (Asian Banana) = *Musa X paradisiaca* (Hybrid Banana)

AA (fertile) × BB (fertile) = AAB or ABB (etc.) (sterile)

Origin Of Triploid Banana From Asian Parents
A = one haploid set of chromosomes from *M. acuminata*
B = one haploid set of chromosomes from *M. balbisiana*

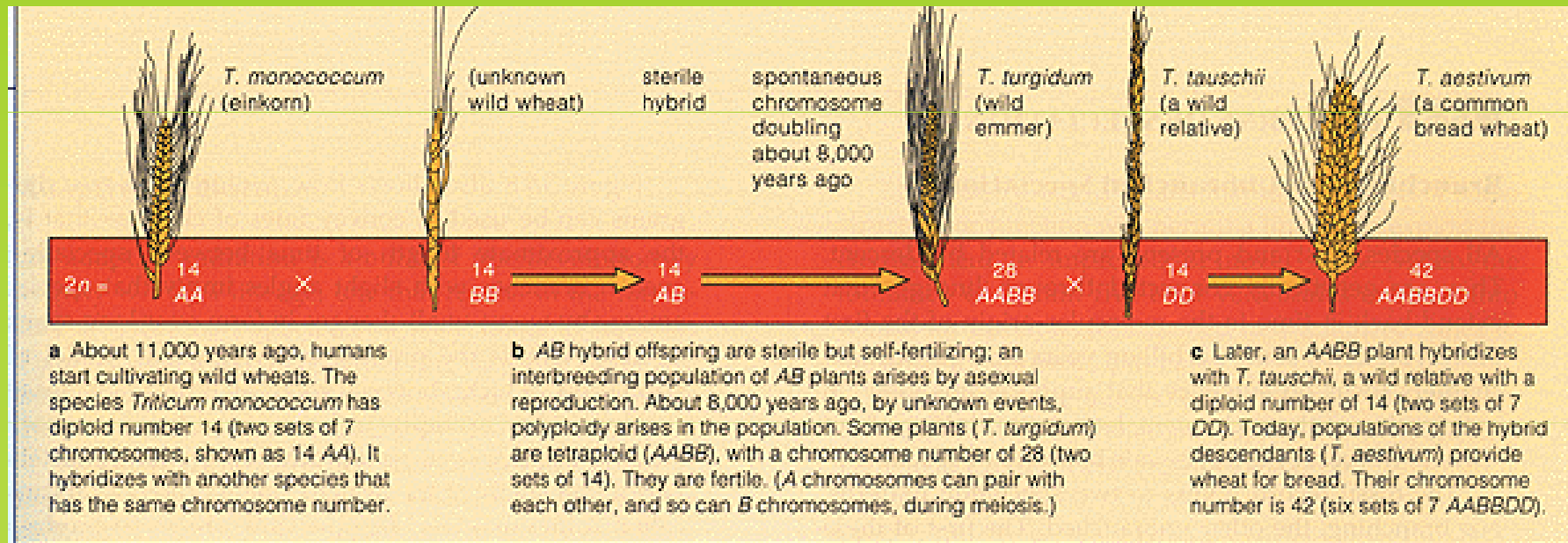
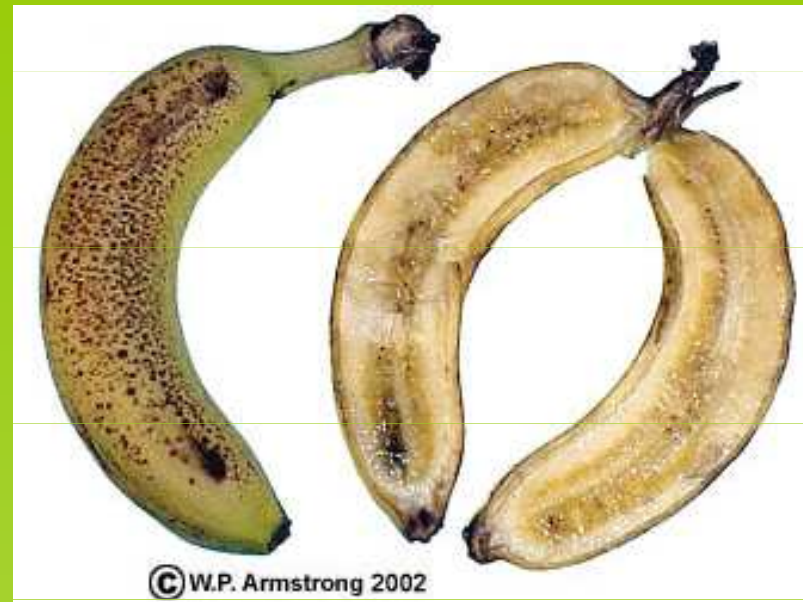


Figure 15.6 Presumed sympatric speciation in wheat through polypoidy and hybridizations. Wheat grains 11,000 years old have been found in the Near East. Diploid wild wheats still grow there.

Praktické aspekty hybridizace 2:

- křížení *GMO* s divoce rostoucími druhy, únik modifikovaných genů do přirozených populací
- ochranářská praxe, genetická koroze druhu



Geneticky modifikovaná řepka



Brassica napus

Gen pro herbicidní
rezistenci



Sinapis arvensis



Brassica rapa



Geneticky modifikovaná pšenice



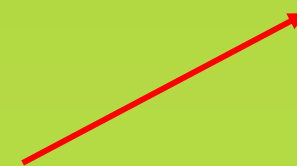
Triticum aestivum



Elytrigia intermedia



Elytrigia repens



Limity přirozené mezidruhové
hybridizace

Mezidruhové reprodukční bariéry

Izolační bariéry - udržují genetickou integritu druhu

prezygotické (prepolinační & postpolinační)

geografická distribuce

opylovací vzdálenost

fenologický překryv

specifita opylovačů

pylová kompetice

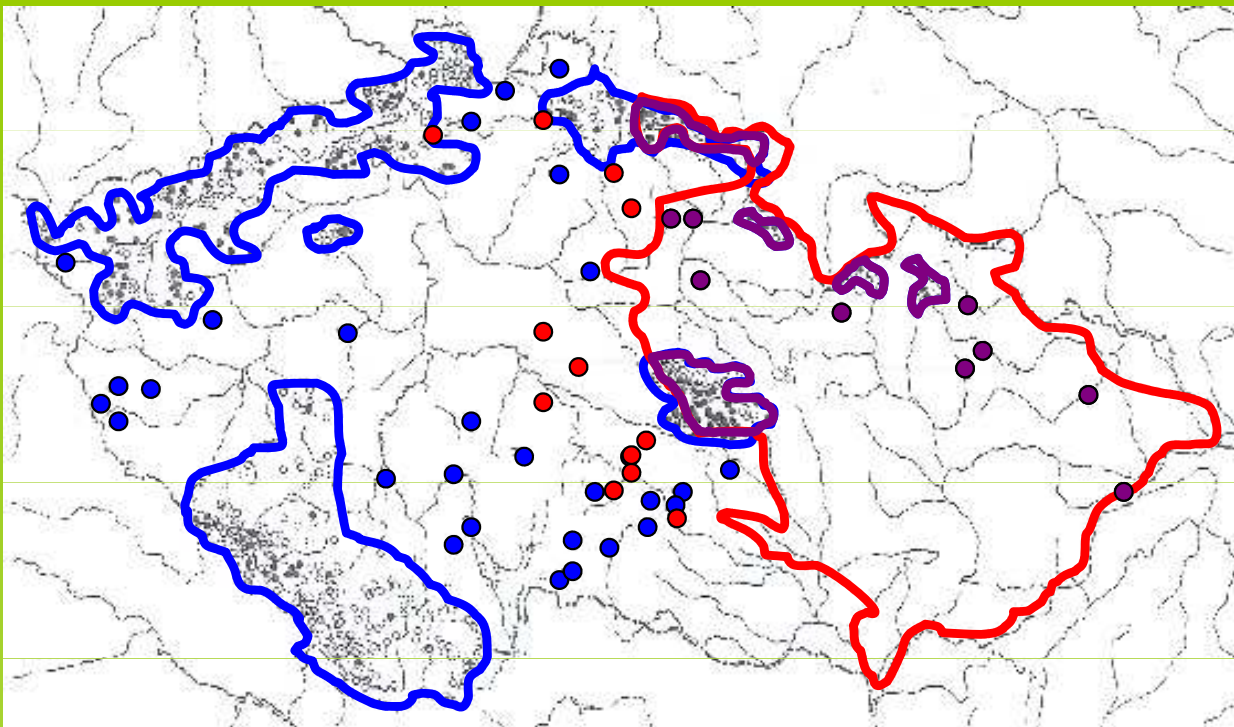
postzygotické
(postpolinační)

zygotická mortalita

snížená životaschopnost
hybridů genetická

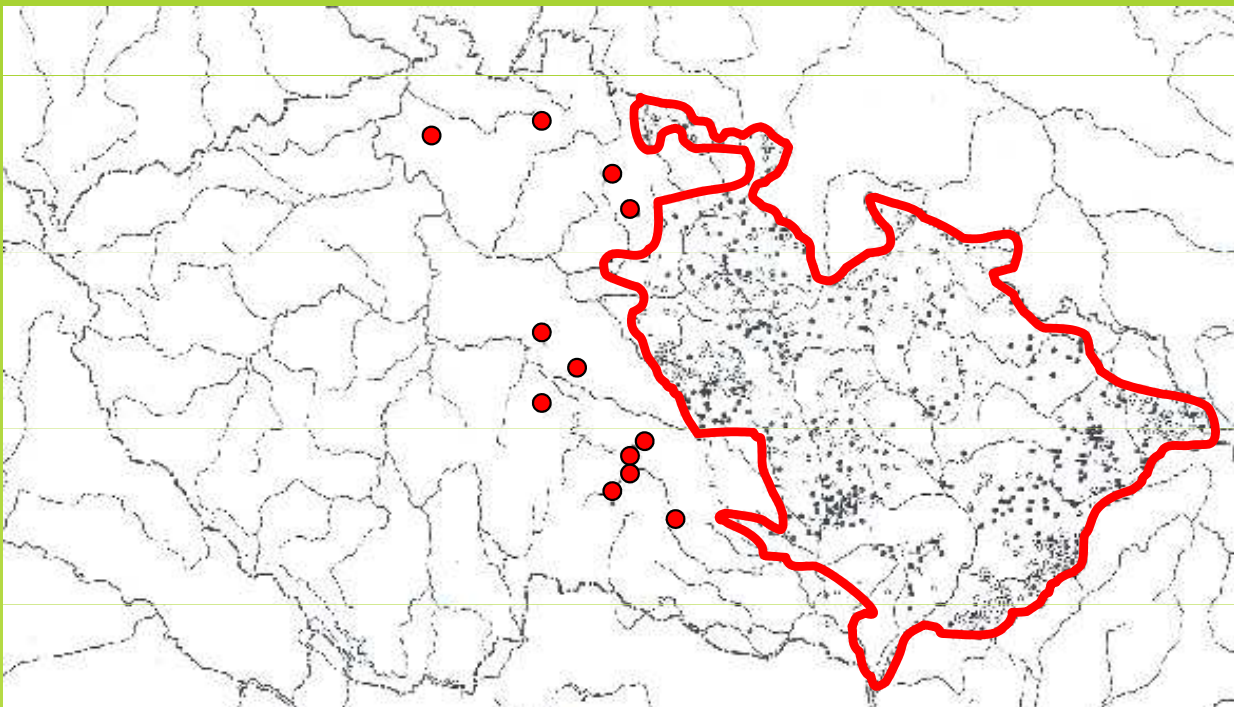
snížená životaschopnost
hybridů ekologická

snížená fertilita nebo
sterilita hybridů

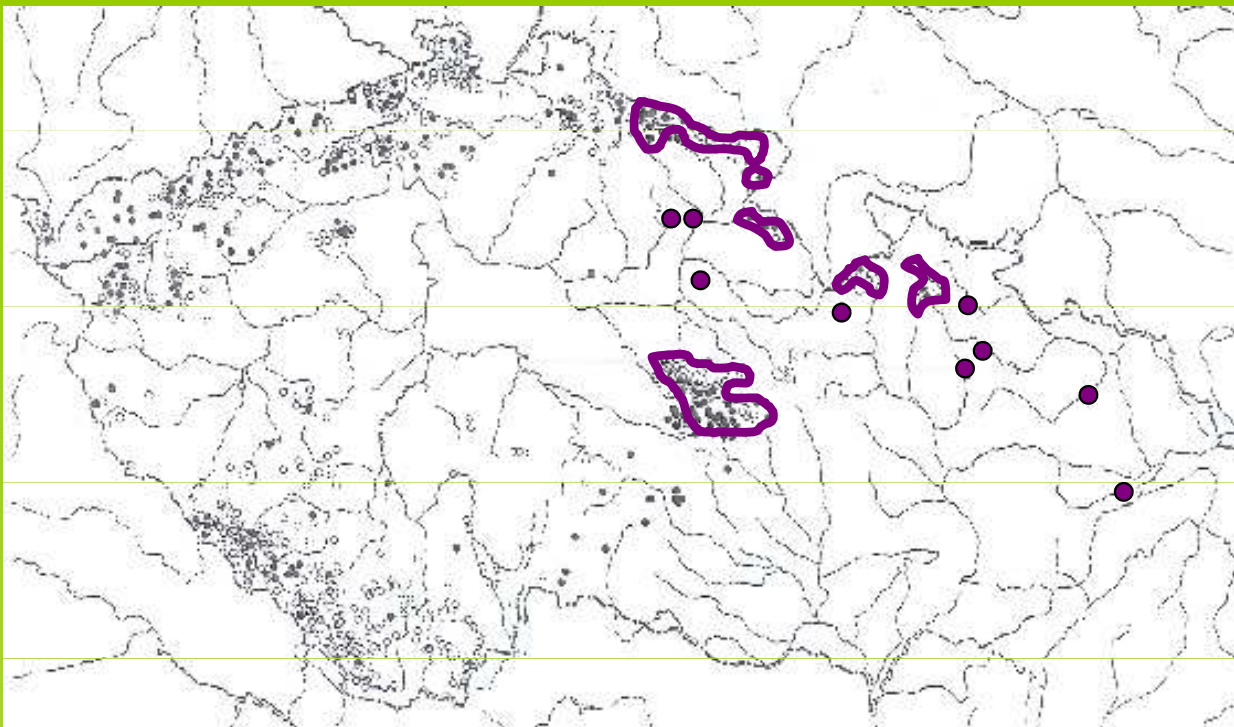


Důležitým faktorem
pro mezidruhovou
hybridizaci mohou
být také rozdíly v
rozšíření rodičov-
ských druhů

Cirsium heterophyllum



Cirsium rivulare



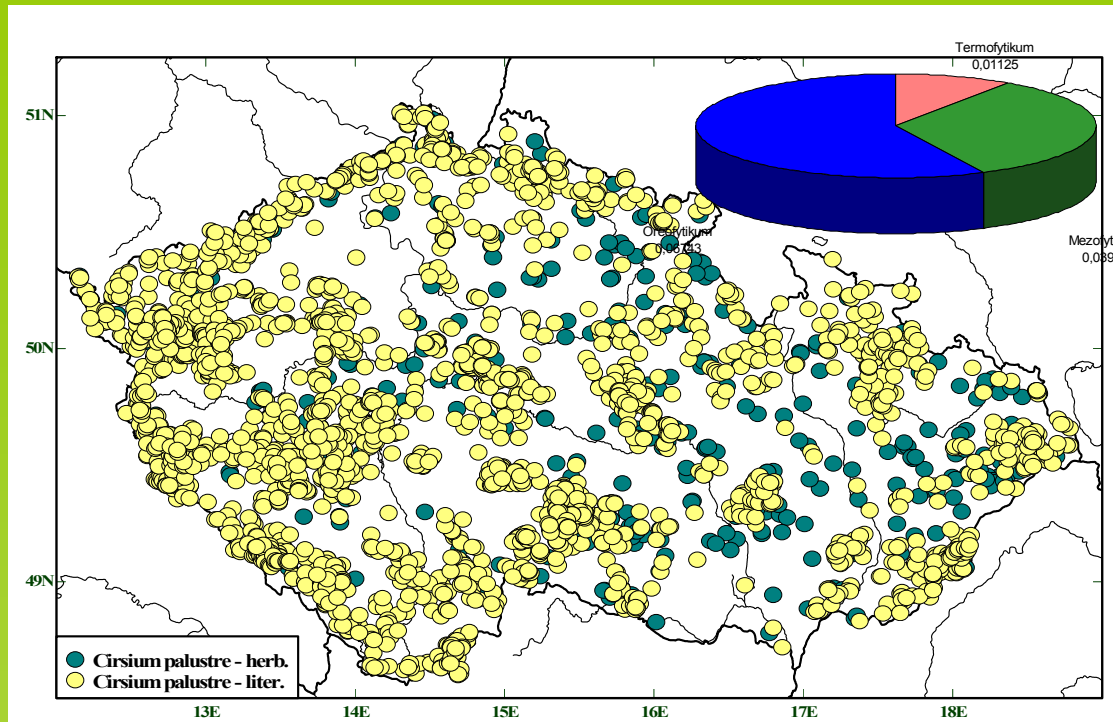
**Místa společného
výskytu**

***Cirsium
heterophyllum***

a

C. rivulare

**Jen v těchto územích mohou vznikat kříženci mezi
Cirsium heterophyllum a *C. rivulare***

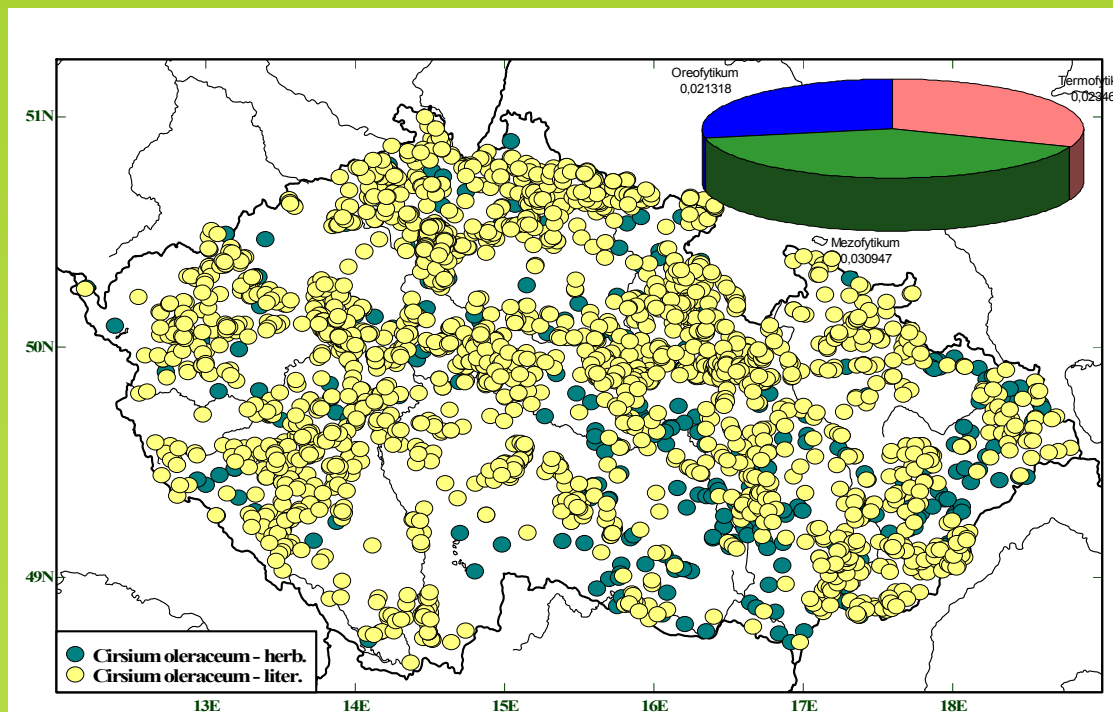


Pokud se druhy podobají svým rozšířením, mohou teoreticky tvořit hybridy častěji

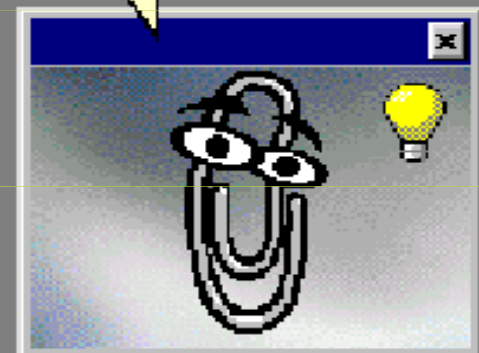
Jak ale kvantifikovat míru podobnosti v rozšíření ve vztahu k hybridizaci ???

Cirsium palustre

Cirsium oleraceum



Ke kvantifikaci podobnosti v rozšíření lze využít společné výskyty ve fytogeografických okresech !



$$RI_{geogr} = 1 - \frac{\text{no. co - occurrences (natural distrib. simil.)}}{\text{no. co - occurrences (random. distrib. simil.)}}$$

$$RI_{geogr}(A, B) = 1 - \frac{\sum_{i=1}^{99} a_i b_i}{\sum_{i=1}^{99} \frac{(p(\text{phyt}_i))^2}{d(A)d(B)}}$$

$$AC1 = RI1$$

$$AC2 = RI2 (1 - AC1)$$

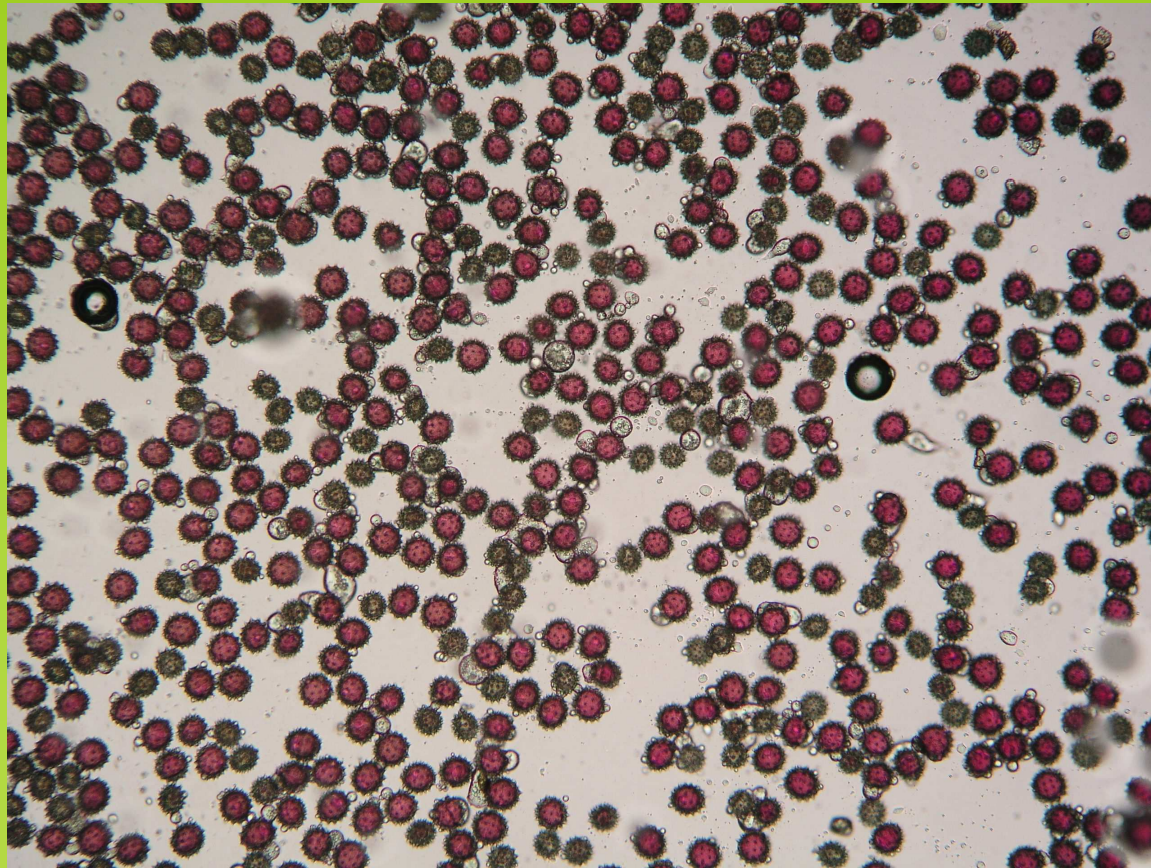
$$AC3 = RI3 (1 - (AC1 + AC2))$$

$$ACn = RIn (1 - \text{suma } (i=1..n-1) ACi)$$

$$\text{Total barriere} = T = \text{suma } ACi$$

$$\text{Relative contribution } RCn = ACn/T$$

$$\text{RI postzygotic} = 1 - \frac{\text{F1 hybrid fitness}}{\text{mean parental fitness}}$$



**Fenologické limity přirozené
mezidruhové hybridizace**

1

Úbor zavřený, barva květů není vidět

**2a**

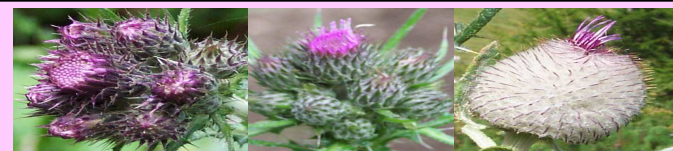
Úbor pootevřený, barva květů je vidět

**2b**

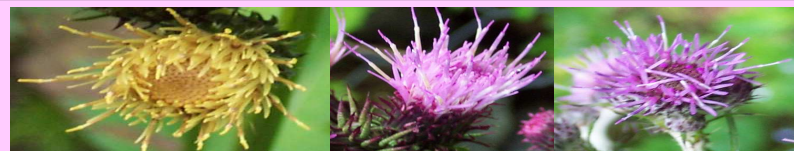
Úbor napůl otevřený, zavřené květy tvoří plošku

**3a**

Ploška úboru s několika prvními otevřenými obvodovými květy

**3b**

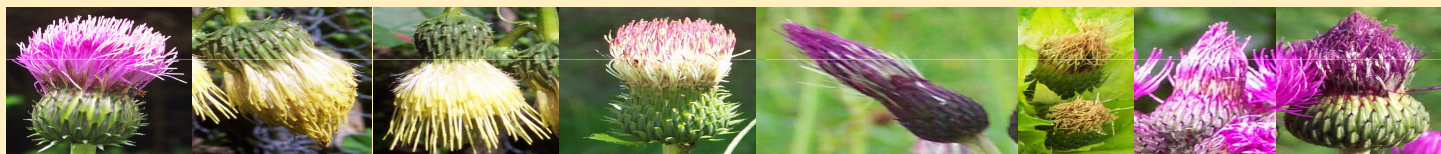
Zhruba polovina květů po obvodu úboru otevřena, střední květy zavřené (zbytek plošky)

**3c**

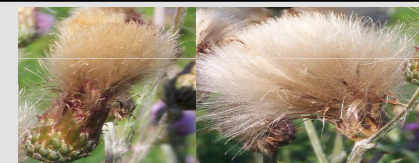
Všechny nebo skoro všechny květy otevřeny = úbor zcela nebo téměř zcela otevřený

**4**

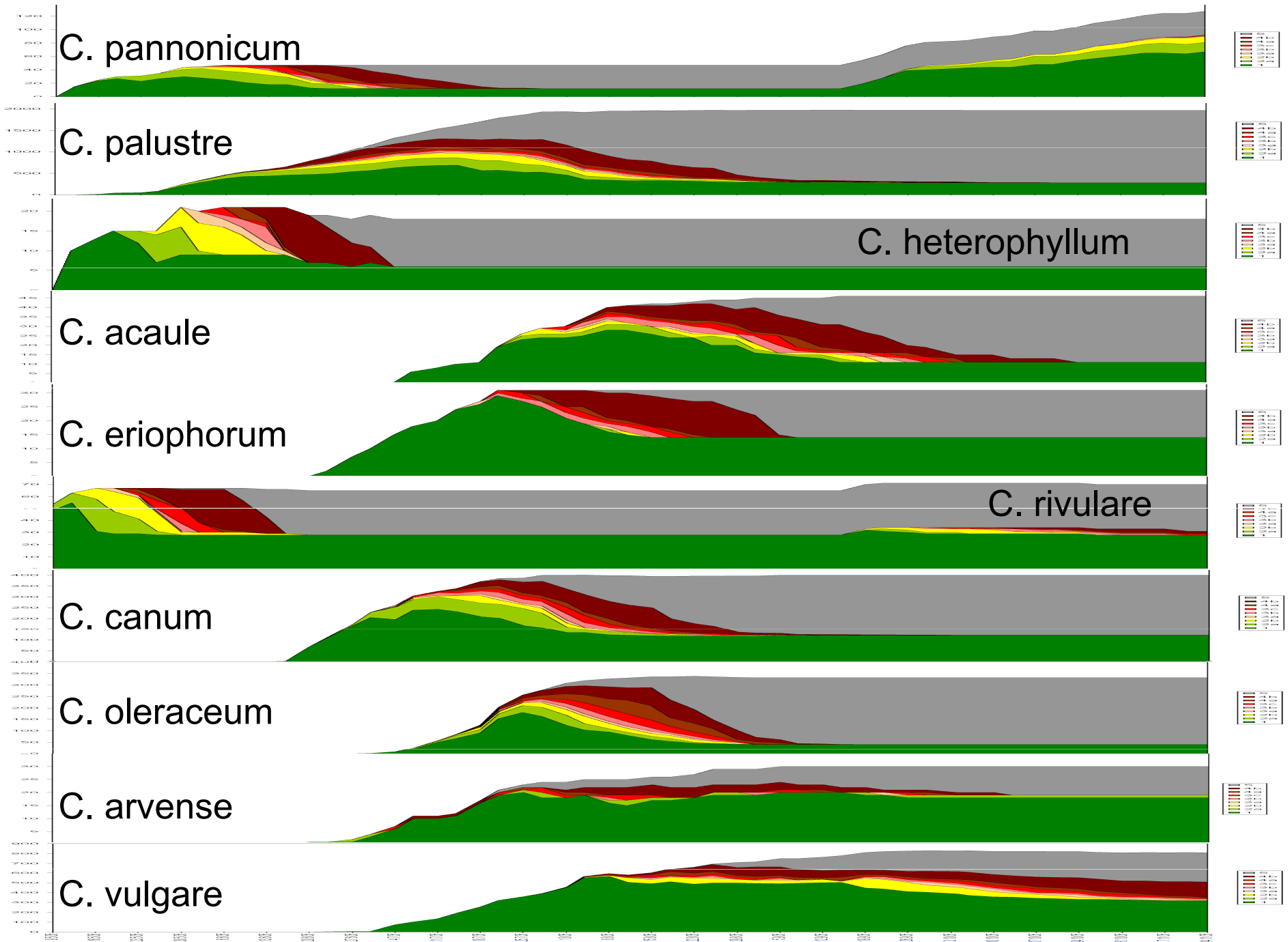
Úbor se zavírá, květy zasychají, vzniká chmýr, barva květů ještě patrná

**5**

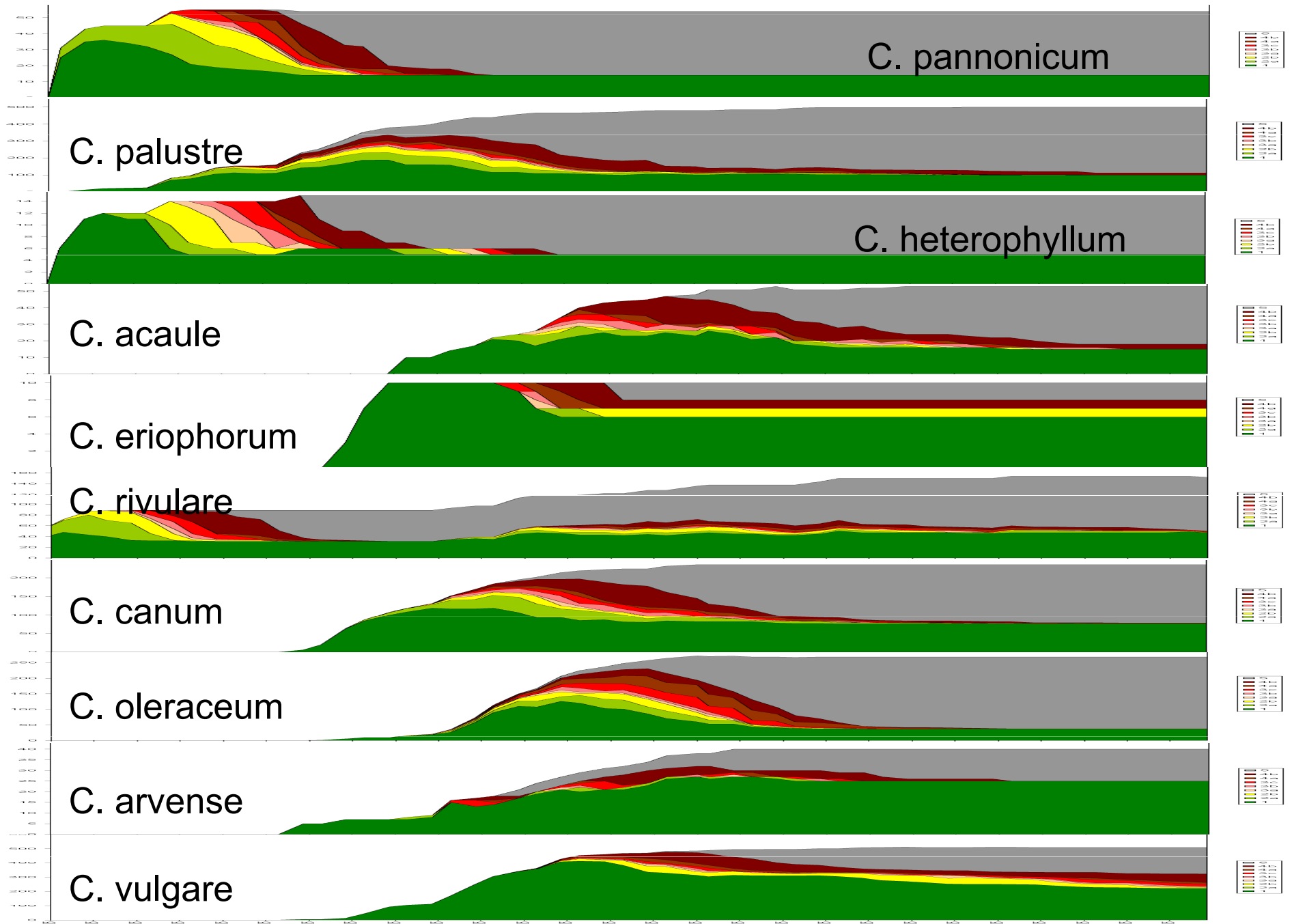
Úbor se otvírá, květy (koruny) jsou zaschlé, hnědé nebo opadané, chmýr s nažkami je vytlačován z úboru



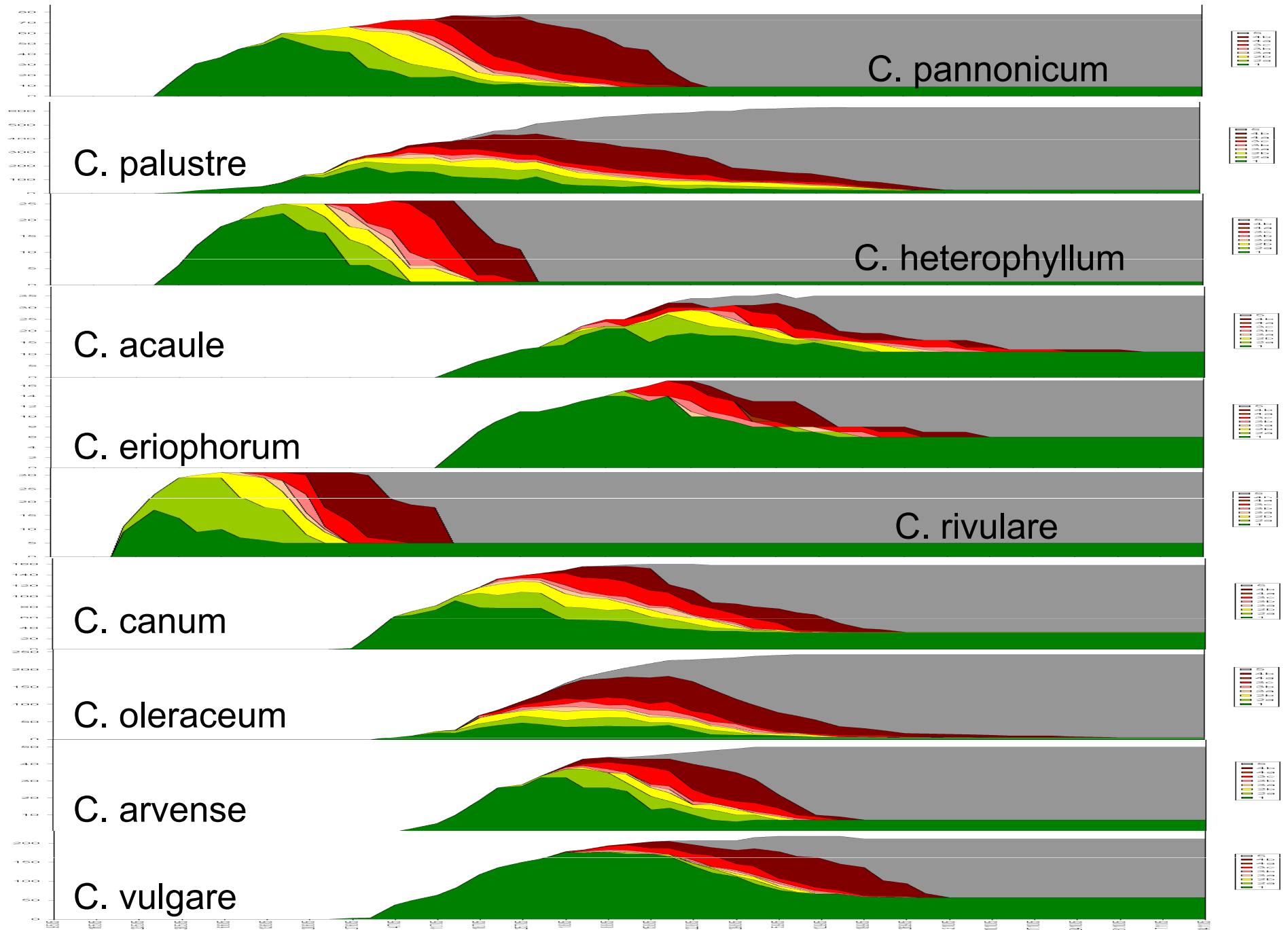
Kejbaly 2005



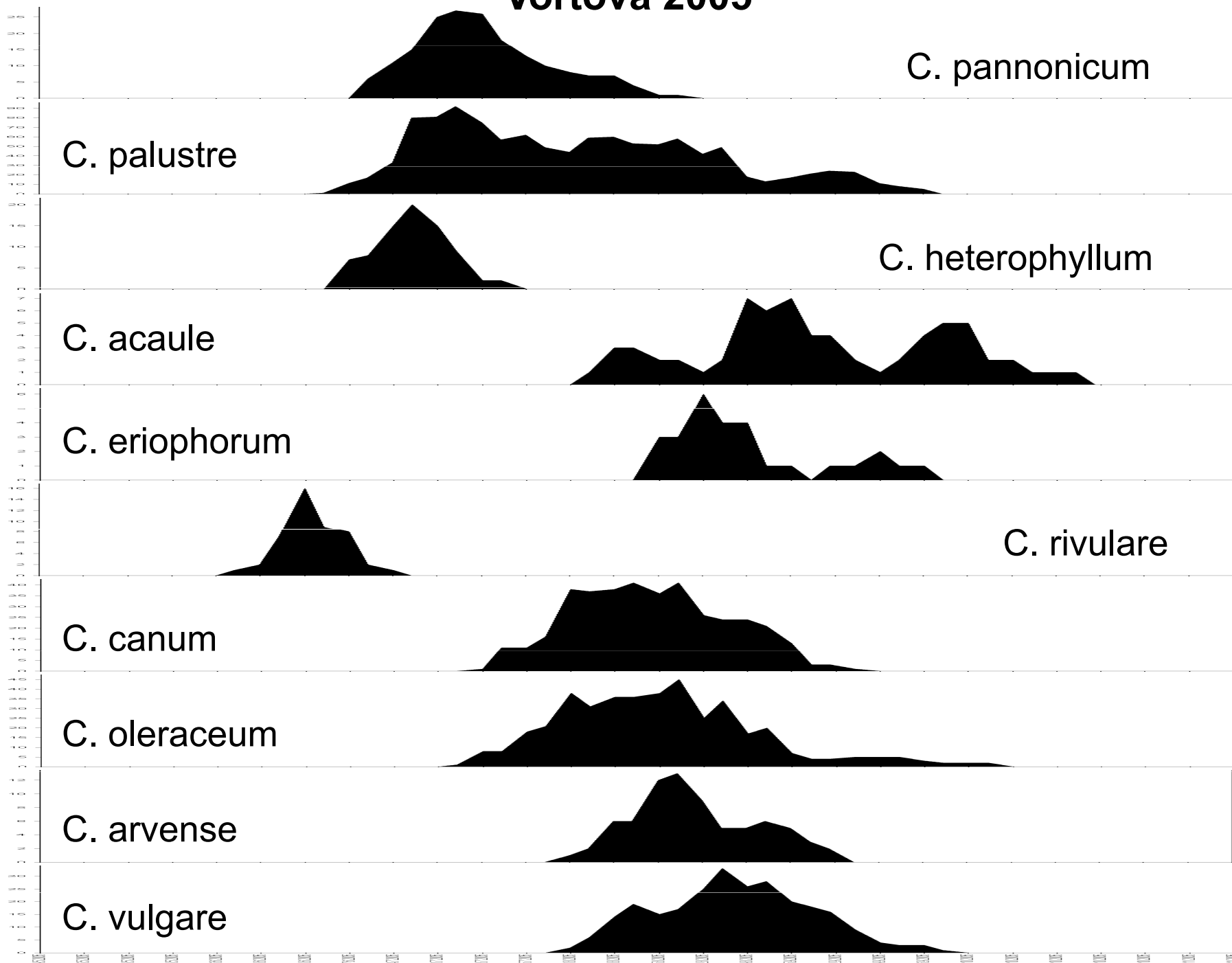
Kraví hora 2005



Vortová 2005



Vortová 2005



Phenological overlap of parental species

Table values are based on average weighted by the numbers of flowering plants in each species pairs in nine replications (three vegetation seasons in three climatically different gardens where all 11 species were cultivated together, each species represented by at least nine plants in each garden or season respectively).

$$s(A, B) = \frac{\sum_{i=1}^n \min\left(\frac{a_i}{a_{\max}}, \frac{b_i}{b_{\max}}\right)}{\sum_{i=1}^n \max\left(\frac{a_i}{a_{\max}}, \frac{b_i}{b_{\max}}\right)}$$

a_{\max} or b_{\max} resp. = maximum number of a_i or b_i for $i = 1 \dots n$; i.e., maximum number of flowering capitula of species A or B resp. in n estimations during one vegetation season.

a_i or b_i resp. = number of flowering capitula of species A or B resp. in i^{th} measurement during the season.