

## Abstrakt

Řasníci (Strepsiptera: Xenidae) jsou skupinou hmyzích parazitů, která je velmi vhodná pro studium hostitelské specializace. Vyvinula se u nich řada adaptací na parazitický způsob života zahrnující komplexní morfologické, behaviorální, a fyziologické adaptace, které nemají u jiných organismů obdoby. Paradoxně malá pozornost byla naopak věnována studiu molekulární fylogeneze, fylogeografie, vymezení jednotlivých druhů a jejich implikacím pro taxonomickou klasifikaci.

S využitím metod molekulární fylogenetiky jsme vytvořili první datovanou fylogenezi čeledi Xenidae. Pomocí fylogeografických metod a rekonstrukce ancestrálních hostitelských linií jsme zjistili, že mezi Novým světem a Starým světem + Austrálií došlo k výměně některých linií, dokud Antarktida zcela nezamrzla. Během pozdního paleogénu a neogénu se několik linií rozšířilo z Afrotropické oblasti do dalších oblastí Starého světa a Austrálie. Původními hostiteli čeledi Xenidae byly s největší pravděpodobností sociální vosy, přičemž následný přechod od sociálních k samotářským vosám byl sekundární a pravděpodobně k němu došlo pouze jednou. K paralelnímu přeskoku ze samotářských vos na kutilky čeledi Sphecidae došlo nezávisle na sobě v Novém a Starém světě. Evoluční historii Xenidae lze vysvětlit kombinací šíření, vymírání linií a klimatických změn během kenozoika. Nezamrzlá Antarktida a přítomnost komplexu nyní již zatopených ostrovů a částí pevniny, které fungovaly jako spojení mezi Novým světem, Starým světem, a Austrálií, tak usnadnily možnost disperze řasníků spolu s jejich blanokřídlými hostiteli.

K otestování přítomnosti kryptické druhové diverzity jsme použili tři kvantitativní metody vymezení druhů na základě fylogenetických dat – ABGD, GMYC, bPTP. Naše data ukazují, že čeleď Xenidae je mnohem diverzifikovanější, než se předpokládalo. Podařilo se identifikovat 67 hostitelských druhů, přičemž téměř polovina z nich nebyla pro čeleď Xenidae dříve známá. Konstantní diverzifikaci lze vysvětlit velkou flexibilitou těchto řasníků, která spočívá především v dobré schopnosti kolonizovat nové hostitelské linie a také ve schopnosti pasivní disperze spolu s hostiteli na velké vzdálenosti.

Na základě výsledků molekulární fylogeneze jsme provedli taxonomickou revizi čeledi Xenidae. K identifikaci diagnostických znaků pro morfologickou revizi byly využity samičí cephalothorax a samčí cephalotheca. Nově jsme vymezili celkem 13 rodů včetně 3 nově popsaných. Připravili jsme návod na podrobný a konzistentní popis druhů na příkladu dvou nových druhů rodu *Xenos* Rossi a jednoho nového druhu rodu *Paraxenos* Saunders.