

Ivan Mikuláš

2011

### Fylogeografia Nearktických vtákov

Bakalářská práce

posudek oponenta

#### ÚVOD:

Zdařilý úvod – autor postihuje veškerou škálu výhod i limitací mtDNA jako fylogeografického markeru a uvádí výstižné příklady z literatury.

#### Dvě poznámky:

Autor uvádí (str. 4) že doposud jedinou možností práce s molekulárními hodinami je použití 2% divergenční rychlosti (spočítané jako průměr z různých studií). S tímto tvrzením se nedá souhlasit, existují způsoby jak spočítat divergenční rychlost pro konkrétní případy (věděl by autor nějaký postup?).

Tvrzení (str. 4/5), že druhy žijící dále od rovníku (více na severu – což je nedůslednost) byly ve své speciaci více ovlivněny než druhy tropické se mi (navíc bez citací) a že mají rychlejší evoluci není v souladu s mě známou literaturou a je i neintuitivní. Je dobře zdokumentováno, že posuny klimatických pásem v rámci tropů měly nemalý vliv na evoluci biodiverzity, pravděpodobně větší než na dalekém severu, kde se druhy prostě posouvali s klimatem. Pravděpodobněji zní autorova poslední věta vyzdvihující vliv extinkcí na dalekém severu.

#### SROVNÁVACÍ FYLOGEOGRAFIE:

Velmi informativní, autor každopádně vložil do rešerše ohromné množství práce a času – jsem toho názoru, že se musí jednat o autorův koníček :-)

Dotazy: Měl jsem jich hned několik, ale autor mi na ty nejzajímavější postupně sám odpověděl v textu, což je cenné.

1) V práci je často používán výraz „čas koalescence“. Studovali autoři prací opravdu koalescenční datování (jsou na to metody), nebo je tento termín autorův, používaný obecně pro odhady datování?

2) Není neporovnatelnost (neshoda) odhadů divergence kodistribovaných sesterských párů způsobena různou mírou introgrese mezi oněmi páry druhů?

3) Není tato neshoda také způsobena neúplným taxon samplingem? Toto je problém který byl například zdokumentován při datování sesterských párů oddělených panamskou šíjí.

Autor rozdíl v otázkách č. 2 a 3 v práci často argumentuje rozdílnou ekologií párů druhů (a také, což je triviální, použitím jiných DNA markerů).

4) Dokázal by si autor vzpomenou zda a u kolika prací narazil na to, že by autoři použili pro vizualizaci vztahů podle DNA i tzv. haplotypové sítě (haplotype networks)? Pokud ano, u kolika prací byla nalezena retikulárnost v rekonstruovaných vztazích?

Drobnosti:

Myslím, že je u dat starších než několik málo tisíc let zbytečné udávat že se jedná o dataci před naším letopočtem (údaj 100-50 milionů let př.n.l. na str. 14 tuto komičnost krásně vystihuje).

Někdy je v práci nejednoznačně hodnocena metoda RFLP, často jsem měl dojem že se autor domnívá, že je to metoda studující výhradně variabilitu mtDNA.

Myslím, že není nutné překládat název Jihočeské Univerzity atd. do slovenštiny.

Myslím si, že správně by měla být poušť Chihuahua (ne Chihuanhuan).

ZÁVĚR:

Autor v úvodu nastiňuje, že ptáci jsou díky schopnosti letu potenciálně velmi vagilní organismy, ale v závěru je daty krásně donucen své tvrzení poopravit a přiznat si, že mnoho skupin ptáků má velmi výraznou biogeografickou strukturu (a to nejen v Severní Americe).

Autor také elegantně srovnává získané biogeografické DNA linie s poddruhovou klasifikací a shledává poměrně nevýraznou korelaci (s tím že poddruhů je průměrně mnohem víc než DNA linií). Navíc data ukazují že u mnoha druhů jsou DNA divergence tak výrazné že se asi nejedná o poddruhy ale o jasné druhy.

Práce se mi velmi líbila, plně podle mě splnila účel kritické rešerše (literatura zahrnuje 140 položek). Autor na mnoha místech poskytuje polemiku s autory prací ze kterých čerpal a vzniklo tak zajímavé, čtivé a pro mě velmi přínosné dílo. Jediné co práci chybí k úplné dokonalosti je metanalýza za použití fylogeneticko-biogeografických analýz, což by ale vystačilo na samostatné téma.

Práci hodnotím jako výbornou.

v Č.B. 23. května 2011

Mgr. Oldřich Řičan, Ph.D.