

Oponentský posudek magisterské diplomové práce:

Joel Krejčí: Rozšíření a diverzita *Huperzia selago* agg. v Evropě

Diplomová práce J. Krejčího je úctyhodnou biosystematickou studií, která na 64 stranách textu s 24 stranami příloh dokumentuje rozšíření cytotypů *Huperzia selago* agg. v Evropě (s určitým přesahem do dalších oblastí severní polokoule, zejména ruské Sibiře) a pokouší se o jejich morfologickou charakteristiku, popis plasticity znaků na gradientu některých podmínek prostředí, a v neposlední řadě o srovnání cytotypů s existujícími popsány taxony za účelem jejich možné identifikace s nimi. Autor odvedl mimořádné množství práce při vlastním sběru vzorků, cytometrické analýze nasbíraného materiálu i při jeho morfometrickém zhodnocení. S pomocí školitele, pteridologické skupiny na naší katedře i četných kolegů u nás i v zahraničí se podařilo nasbírat a cytometricky zanalyzovat téměř 1300 vzorků z téměř 200 lokalit široce pokrývajících rozšíření druhového agregátu v Evropě. Morfometricky bylo zhodnoceno 34 populací čtyřech více rozšířených cytotypů. Práce je v úvodu krátce zasazena do kontextu předchozích studií, výsledky jsou statisticky vyhodnoceny, kde je to možné a vcelku adekvátně diskutovány, s vyvozením střízlivých závěrů, včetně praktického určovacího klíče k dokumentovaným cytotypům. Autor podle očekávání prokázal, že zjištěné cytotypy není možné vztáhnout k existujícím popisům drobných taxonů v agregátu a naznačil, že taxonomické zhodnocení komplexu bude muset v budoucnu doznat značných změn. Přestože níže uvádím několik upozornění na drobné nedostatky a polemizuji i s některými zásadnějšími otázkami strategie či designu předložené studie, celkově práci jednoznačně hodnotím jako zdařilou, zasluhující v případě dobré obhajoby hodnocení stupněm **výborně**.

Zásadnější kritické a diskusní připomínky k práci:

- Úvodní kapitola mi přijde vzhledem k ostatním nedostatečná. Nevím sice, kolik relevantní literatury k systematice a taxonomické problematice homosporických plavuní existuje, ale přeci jen předpokládám, že mnohem více, než by se zdálo podle dvoustránkového úvodu založeném na citaci 22 prací, z nichž důkladněji je „vytěžen“ jen zlomek (namátkovým hledáním jsem na „první dobrou“ na WoS objevil např. tyto, které bych na místě autora zmínil: doi: 10.1016/j.bse.2019.01.009, 10.11646/phytotaxa.219.3.4, disertace W. Testa z r. 2018). Z nedostatečného úvodu do problematiky vyplývá moje první zásadní otázka:
- Nakolik jsou vlastně cytotypy *Huperzia selago* agg. relevantní taxonomickou informací z pohledu mikrospeciace v této skupině? Jinými slovy, jak často může v populacích docházet k polyploidizačním událostem, jak jsou vzniklé nepravidelnosti přenášeny do dalších generací a jaká je případná reprodukční bariéra mezi nimi a zbytkem populace?
- Pokud přijmu vcelku pravděpodobnou navrženou interpretaci, že cytotyp Arc je diploidní, A triploidní, B tetraploidní a XXL oktoploidní (pravděpodobný interploidní cytotyp XL a jeden zaznamenaný případ menší odchylky od B pomínu), přijde mi jako taxonomicky nejzajímavější otázka původ cytotypu A, který má mnohem širší areál než nejbližší zjištěné diploidní taxony (ať už severoamerické nebo cytotyp Arc prokázaný na východní arktické Sibiři). Jak si koexistenci cytotypů A a B autor vysvětluje a jak by se dala tato otázka vyřešit?
- Druhou zásadnější připomínku mám k samplingu. Jakkoli jsem autora v úvodu chválil za kvantitu získaných vzorků, z taxonomického pohledu mám pocit, že jedinou autorovou strategií bylo relativně rovnoměrné pokrytí geografického a výškového gradientu (str. 3). Při snaze o geografické pokrytí (které by odráželo kvantitativní zastoupení cytotypů

v Evropě) bych očekával rozdělení osídleného areálu do čtverců, ve kterých by sampling probíhal definovaným, statisticky obhajitelným způsobem. Alternativně, pokud chci „vyzobat“ diverzitu daného taxonu v určitém území (taxonomický přístup, usilující o nalezení stejného množství od všech cytotypů pro postižení jejich variability) je nutné zohlednit florogenezi, variabilitu stanovištních podmínek (rozhodně ne jenom výškový gradient a lesní vs. nelesní biotopy) apod. Trochu chaotický, ale důkladný sampling autora poskytnul podle mého názoru mix kýžených informací z obou přístupů, což je třeba zohlednit při interpretaci výsledků. Může autor sampling blíže komentovat?

- Třetí dotaz směřuje k provedení morfometrických analýz. Protože bylo asi téměř od počátku zjevné, že variabilita v rámci jednotlivých (přinejmenším běžnějších) cytotypů bude povětšinou větší než mezi nimi, očekával bych, že se autor pokusí vyhodnotit rozdíly v rámci jednotlivých větších směsných populací („mixed stands“). Ty totiž představují téměř ideální pokusné podmínky (kultivační experiment v přírodě) pro zjištění odlišného rozsahu fenotypické plasticity jednotlivých taxonů (zde cytotypů) v daných podmínkách (pomineme-li samozřejmě možnou odlišnou dobu kolonizace stanoviště). Nezkoušel autor aspoň v některých populacích tento přístup použít?

Další drobnosti (možno přeskočit při nedostatku času):

- morfometrika, str. 5: „rostliny byly vybírány cíleně tak, aby zároveň měly gemy i zralé výtrusnice“ – nemá tvorba gem a výtrusnic vliv na měřené znaky lodyh a listů?
- str. 8: „S velkými kulatými útvary... je v této práci jednáno jako s diplosporami...“ – citovaní autoři však zmiňují ještě další vysvětlení, pro mě snadněji přijatelné a citované na str. 49, a sice že se může jednat o nerozdělené sporocyty, není to pravděpodobnější?
- *Huperzia lucidula*, *H. miyoshiana* a *H. appressa* mají identickou absolutní velikost genomu (informace na str. 14–15 jsou nejasné, co vlastně bylo analyzováno a co je dedukce z literárních zdrojů)?
- na str. 19 a násl. (např. str. 35 ad.) autor nekonzistentně operuje s termíny popisujícími výškové stupně (subalpínský, alpínský) a vegetační formace či biomy (tundra, bezlesí)
- na str. 23 bych asi rozporoval tvrzení, že „PCA...neodhalila znaky, které by jednoznačně odlišovaly jednotlivé cytotypy...“, když „...cytotyp XXL se v datasetech I a II jeví jako odlišný od ostatních...“; navíc „odhalení“ takových znaků se asi nedá od výstupu z PCA úplně očekávat
- str. 25, za nejužitečnější výstup z LDA bych považoval možnost odlišení skupin testovat (dále jsou pak testovány alespoň diskriminační znaky); zaujalo mě, že nejodlišnější cytotyp XXL byl pomocí diskriminační funkce nejméně často správně určen (Tab. 5, 6, str. 29, možná jen nerozumím výstupu)?
- obr. 42 (str. 58) – na obrázku by bylo vhodné porovnat rostliny cytotypů A a Arc s typem *H. arctica* při stejném a dostatečném zvětšení

V Českých Budějovicích, 7.7.2020

Jan Kučera