



BIOLOGICKÉ CENTRUM AV ČR, v. v. i.

adresa: Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice
telefon: +420 387 771 111 (ústředna)
+420 387 775 051 (ředitelství)

IČ: 60077344 | DIČ: CZ60077344
číslo účtu: 6063942/0800, Česká spořitelna, a.s.
www.bc.cas.cz | e-mail: bc@bc.cas.cz

Posudek magisterské práce **Bc. Jana Waltera** s názvem *Fylogeneze a biogeografie modrásků podtribu Everina*.

Práce přináší nové poznatky relevantní pro evoluci, biogeografii i taxonomii modrásků. Na danou skupinu nejsem odborník a tak (možná ke smůle diplomanta 😊) práci mohu hodnotit spíše obecným pohledem zvenku, v porovnání s obdobně pojatými pracemi na jiných skupinách organismů.

Autor v úvodu představil rozsáhlé množství informací o studované skupině, o biologii a biogeografii jednotlivých zástupců, včetně problematických druhů z hlediska taxonomie. Úvod se čte velmi dobře, jen přechod mezi kapitolami 1.1 (Klasifikace a fylogeneze čeledi Lycaenidae) a 1.2 (Biogeografie a vývoj klimatu v kenozoiku) působil trochu nepřírozně, bez jasné návaznosti. Autor pak ve své práci shromáždil velmi solidní dataset sekvencí genu pro cytochrom oxidázu 1 a úspěšně analyzoval data pomocí standardních i poměrně pokročilých fylogenetických a biogeografických metod. Výsledky analýz jsou ve velké většině dostatečně popsány i interpretovány v diskuzi.

Práci by ale prospěly lépe formulované cíle, které by definovaly konkrétní (fylogenetické, biogeografické) hypotézy k testování. Pouze poslední cíl (Diskutovat problematické druhy z podtribu Everina a vnitrodruhovou strukturu vybraných druhů nebo skupin druhů) je konkrétnější, ostatní cíle se omezují na použití metod ale bez jakýchkoli predikcí. Úvod přitom obsahuje poměrně velké množství informací, takže z obecně formulovaných cílů není dostatečně zřetelný záměr práce vzhledem k předchozímu výzkumu. Se zacílenými hypotézami by se čtenář snadněji orientoval v textu, bylo by jasnější, která metoda má sloužit k dosažení kterého cíle, a práce by celkově byla dynamičtější.

Z dosažených výsledků byla slaběji využita populačně genetická data. Analýzy se omezily na stanovení haplotypových a nukleotidových diverzit celých druhů. Přitom by tato data šla využít i pro jednotlivé haploskupiny, případně pro analýzy demografie (testy neutrality, mismatch distribution), které mohly poskytnout údaje podporující nebo rozporující testované biogeografické scénáře (range expansion/contraction, ...).

V diskuzi se autor soustředí na interpretaci výsledků fylogenetických a druhově specifických analýz. Zaujal mě jeden detail - použití výrazu bazální ve větě „...Talavera et al. (2015) na základě třech mitochondriálních a čtyř jaderných genů (celkem 4850 bazí) uvádějí druh *Elkalyce cogina* jako bazální ke všem ostatním druhům podtribu Everina.“ Řekl bych, že bazální mohou být uzly, případně znaky, ale ne druh tvořící jednu ze dvou sesterských monofyletických linií, a to i pokud je jedna z linií diverzifikovanější co do počtu taxonů (ostatně v citované práci se také hovoří spíše o sesterském uspořádání). Níže autor také hovoří o tom, že v jeho topologii se rod *Elkalyce* oproti citované práci posunul. Hodilo by se ale zmínit, že zde jde o uzel s nízkou bootstrapovou podporou, což je pochopitelné vzhledem k použití jednoho relativně krátkého genového úseku, zatímco citovaná práce konkatenovala několik mitochondriálních a jaderných genů. Naopak, správně autor o něco níže uvádí možnost nepřesné rekonstrukce vztahů v případě monofylie rodů *Cupido* a *Everes*, právě z důvodu použití krátké sekvence genu.



Z drobnějších nedostatků magisterské práce bych zmínil některé jazykové chyby a „překlepy“, které mohly vzniknout ve spěchu při dokončování textu. Autor by si měl pohlídat skloňování přídavných jmen ve větách (často se neshoduje s podstatným jménem). Z dalších drobností je např. ve výsledcích (kapitola 4.1) zmíněn MrBayes jako metoda, i když se jedná o software. Na mapce v obr. 12 s výsledky u haplotypových sítí jsem marně hledal jeden z klastrů (modrý klastr BAPsM2). Možná je to dáno velkým množstvím malých bodů s lokalitami na mapkách. A občas se vyskytnul i celkem vtipný překlep (např. v diskuzi je „Kalifornie“ na „východě USA“).

Přes některé nedostatky je zřejmé, že student odvedl velmi dobrou práci. Předpokládám, že po převedení do angličtiny a úpravě některých nedostatků má práce dobrou šanci na publikování. Práci doporučuji k obhajobě a prozatím hodnotím stupněm velmi dobře, ale výsledné hodnocení závisí i na prezentaci práce během obhajoby.

Dotazy:

Z popisu spektra studovaných druhů mi jako ne-odborníkovi na modrásky nebylo zcela jasné, nakolik mohl výsledek analýz ovlivnit taxon sampling. I přes to, že bylo navzorkováno velké množství druhů, nejde přirozeně o úplný výčet. Z tabulky 1 není úplně zřejmé, jestli některý nesekvenovaný taxon nemohl být klíčový (svým rozšířením, případně předpokládanou fylogenetickou pozicí). Mapa areálů by mohla pomoci, ale uznávám, že natlačit všechny druhy do jedné mapy by asi nešlo. Nicméně, v diskuzi se taxon samplingu autor nevěnuje, takže by mě zajímal krátký komentář.

Všimnul jsem si, že PCR produkty byly sekvenovány v jen v jednom směru. Zároveň ale byly některé sekvence manuálně opravovány. Nebylo by správnější je přesekvenovat i v druhém směru? Jinde je také zmíněno použití primerů s T3 a T7 promotory, sekvenovalo se tedy napřímo, nebo klonováním, nebo s hybridními primery?

V metodách autor hovoří o testování šesti různých biogeografických modelů, ale neuvádí, v čem se tyto modely liší, což je poměrně zásadní, pokud se má na výsledcích analýzy stavět (testovat biogeo hypotézy). Prosím o stručné vysvětlení, v čem se od sebe dané modely liší a jak to může souviset s biogeografií studované skupiny. V diskuzi je věnován prostor komentování výsledku se signifikantním modelem (DEC+J), ale v metodách si myslím tomu mohlo být věnováno víc prostoru.

Zajímalo by mě, jak se autor dívá na využití jedno-lokusových markerů (např. COI) pro studium druhových (taxonomických) příslušností. Z diskuze se dá leccos vyčíst ohledně limitací pro fylogeneze, ale je ukazováno využití COI v taxonomii druhů, poddruhů, apod. Nejsou ale mtDNA sekvence spíš vhodnějším nástrojem pro studium historických jevů a populační diverzity, než pro využití jako taxonomické vodítko?

Jan Štefka

Laboratoř molekulární ekologie a evoluce



BIOLOGICKÉ CENTRUM AV ČR, v. v. i.

Parazitologický ústav, Biologické centrum AVČR
Branišovská 31, 37005 Č. Budějovice

V Č. Budějovicích 19.5. 2021