Posudek oponenta na diplomovou práci

☒ oponentský posudek	Jméno posuzovatele: RNDr. Martina Johnson Pokorná, Ph.D.
	Datum: 4.9.2019

Autor: Bc. Michaela Pappová

Název práce:
Analýza pohlavných chromozómov a repetitívne usporiadaných génov u vybraných vtáčkarovitých a araneomorfných pavúkov

Cíle práce
Cílem diplomové práce bylo cytogeneticky prozkoumat vybrané druhy mygalomorfních a haplogynních pavouků a popsat jejich karyotyp, případně rozmístění genů pro organizátor jadérka (NOR). Dále se práce měla zaměřit na molekulárně cytogenetickou analýzu zástupců rodu *Poecilotheria.* Posledním vytyčeným cílem byla analýza diferenciace pohlavních chromosomů na molekulární úrovni.

Struktura (členění) práce, odpovídá požadovanému? ANO ~~NE~~
Rozsah práce (počet stran): 94
Je uveden anglický abstrakt a klíčová slova ANO ~~NE~~
Je uveden seznam zkratek? ANO ~~NE~~

Literární přehled:
Odpovídá tématu? ANO ~~NE~~
Je napsán srozumitelně? ANO ~~NE~~
Použil(a) autor(ka) v rešerši relevantní údaje z literárních zdrojů? ANO ~~NE~~
Jsou použité literární zdroje dostatečné a jsou v práci správně citovány? ANO ~~NE~~

Materiál a metody:
Odpovídají použité metody experimentální kapitole? ANO ~~NE~~
Kolik metod bylo použito? 6

Jsou metody srozumitelně popsány? ANO ~~NE~~

Experimentální část:
Je vysvětlen cíl experimentů? ANO ~~NE~~
Je dokumentace výsledků dostačující? ANO ~~NE~~ - v čem jsou nedostatky?
Postačuje množství experimentů k získání odpovědí na zadané otázky?
ANO ~~NE~~ – co chybí, v čem je nedostačující?

Diskuze:
Je opravdu diskuzí, nejde jen o konstatování vlastních výsledků? ANO ~~NE~~

Jsou výsledky porovnávány s literaturou? ANO ~~NE~~
Jsou uvedeny nějaké hypotézy či návrhy na další řešení problematiky? ANO ~~NE~~

Závěry (Souhrn):
Jsou výstižné? ANO ~~NE~~

Formální úroveň práce (obrazová dokumentace, grafika, text, jazyková úroveň):

Formální úroveň práce je velice dobrá. Pozitivně hodnotím zejména úroveň obrazové dokumentace, která je u cytogeneticky zaměřené práce zcela zásadní. Většina tabulí s fotografiemi studovaných struktur je jasná, přehledná a dobře rozvržená. Jejich grafická úroveň je vynikající. Uvítala bych nicméně několik dalších doprovodných grafických znázornění v diskuzi práce (viz celkové hodnocení a připomínky oponenta).
Vzhledem k tomu, že práce je psaná ve slovenském jazyce, necítím se dostatečně kvalifikovaná, abych posoudila její jazykovou úroveň, co se týká gramatiky nebo jemné stylistiky. Text se ale čte dobře, většinou je dobře provázaný a logický. Zaznamenala jsem poměrně malé množství překlepů a editačních nepřesností (škoda jen nadbytečného „a“ v názvu práce na pevných deskách tištěné verze, nebo chybějících písmenných označení jednotlivých částí v Obr. 27). Z textu je nicméně patrné, že pozdější kapitoly práce, jako je Diskuze a Závěry, trpí větším množstvím překlepů, nebo nenavazujících vět než kapitoly úvodní. Celkově nicméně hodnotím formální úroveň velice kladně.

Splnění cílů práce a celkové hodnocení:

Práce Michaely Pappové přináší nové a velmi zajímavé poznatky o cytogenetice pavouků a zejména o variabilitě pohlavních chromosomů v této skupině. Práce jednoznačně splňuje požadavky kladené na vypracování závěrečné magisterské práce. Michaela Pappová musela během jejího řešení zvládnout rozmanité metody klasické i molekulární cytogenetiky a zejména proniknout do složité evoluce pohlavních chromosomů studované skupiny. Nelehký úkol zvládla z mého pohledu výborně.
Velice kladně hodnotím, jak komplexně studentka k tématu přistoupila. Musela prostudovat velké množství meiotických stádií u všech studovaných druhů, identifikovat pohlavní chromosomy a porozumět jejich chování během meiózy. Zároveň se snažila prostudovat míru diferenciace pohlavních chromosomů pokročilou technikou komparativní genomové hybridizace a popsat oblasti akumulace genů, které se v genomu často vyskytují v klastrech.
Výsledky jsou zajímavé, dávají nahlédnout na studovaný problém a ukazují, že evoluce pohlavních chromosomů u pavouků je skutečně nesmírně zajímavá a rozmanitá. To se týká i míry diferenciace pohlavních chromosomů, kdy metodou CGH Michaela většinou zjistila, že mnohačetné pohlavní chromosomy nejsou sekvenčně příliš diferencované, přestože u jednoho druhu pozorovala výraznou diferenciaci pohlavního chromosomu Y, což dále dokazuje velkou míru variability. S experimentální prací a zpracováním výsledků jsem tedy byla velice spokojena, i úvodní kapitoly byly poutavě napsané a dobře čtenáře zasvětily do studovaného tématu.
Méně pozitivní dojem mám ale z Diskuze. Michaela Pappová v ní shrnuje vlastní výsledky a snaží se je začlenit do širšího poznání o evoluci uspořádání genomu a pohlavních chromosomů u dané skupiny. To je bezpochyby pro diskuzi žádoucí. Ocenila bych ale hlubší zamyšlení nad tím, jak může v evoluci k popisovaným jevům docházet a co mohou znamenat pro evoluci celé skupiny. Pohlavní chromosomy jsou totiž zcela zásadní struktury a jejich četné přestavby, které pozorujeme u pavouků jsou opravdu unikátní. Očekávala bych, že se autorka zamyslí např. nad tím, jestli takové přestavby nemohou souviset se speciací nebo

diversifikací evolučních linií. Také mi v diskuzi chybí kvalifikovanější fylogenetický přístup k popisovaným změnám v počtu chromosomů a pohlavních chromosomech. O fylogenetických vztazích pavouků se dozvíme něco v úvodu, ale pro čtenáře, který není se vztahy uvnitř jednotlivých skupin dopodrobna seznámen, je nemožné se v rámci textu zorientovat. V diskuzi pak autorka několikrát uvádí, že nějaký stav je ancestrální a že vyšší nebo nižší počty chromosomů vznikly v evoluci štěpením nebo fúzemi chromosomů. To ale nelze tvrdit, pokud to není podloženo fylogenetickou pozicí studovaného taxonu. Není např. možné tvrdit, že rekordně vysoký počet chromosomů u druhu *Poecilotheria vittata* vznikl štěpením chromosomů jen proto, že chromosomy jsou převážně akrocentrické. Pokud nemáme srovnání s příbuznými druhy a pokud neznáme situaci u společného předka, nebo alespoň u bazálních linií, nejsme schopni vyloučit, že naopak vysoký počet chromosomů je ancestrální stav a u příbuzných druhů s nižším počtem metacentrických chromosomů docházelo k fúzím. Při těchto úvahách je naprosto nezbytná fylogenetická polarizace studovaných znaků. Bohužel toto v diskuzi postrádám a s podobnými fylogeneticky nepodloženými tvrzeními se v ní setkáváme opakovaně. Chybí mi zde grafické znázornění fylogenetických vztahů druhů, jejichž znaky (počet chromosomů, systém pohlavních chromosomů) autorka porovnává. Bez takového znázornění je těžké se v textu orientovat a také posoudit relevanci navržených evolučních scénářů.

Přes tyto výhrady nicméně hodnotím práci Michaely Poppové velmi kladně. Práce představuje inovativní přístup ke studování evoluce pohlavních chromosomů ve velmi zajímavé skupině a dává čtenáři nahlédnout, že procesy, které stojí za něčím pro jednotlivce i pro populaci tak zásadním, jako je způsob určení pohlaví, mohou být velice rozmanité a mohou podléhat různým evolučním tlakům. Práce je ucelená a výsledky jsou nesmírně zajímavé. Jednoznačně ji tedy doporučuji k obhajobě.

Otázky a připomínky oponenta:

- Na konci výsledků, nebo v diskuzi postrádám grafické nebo tabulkové shrnutí dosažených výsledků. Autorka dosáhla úctyhodného množství výsledků. Pro jejich porovnání a ucelené pochopení bych ale ocenila nějaké přehledné shrnutí. Přeci jen ne u všech druhů byly použity všechny metody a výsledky jsou opravdu rozmanité. Pro čtenáře je náročné se od diskuze stále vracet do výsledků a hledat každý údaj v sice dobře napsaných, nicméně dlouhých popisech. Pro ucelený přehled to považuji za velmi žádoucí.
- Ráda bych poprosila autorku, aby si vybrala jeden případ, kde v diskuzi tvrdí, že nějaký stav je pro skupinu ancestrální a navrhuje scénář vzniku struktur, které experimentálně pozorovala. Na tomto příkladu bych jí poprosila, jestli by mohla svá tvrzení přehledně podložit fylogenetickými vztahy taxonů, které porovnává.
- Mohla by se autorka zamyslet nad tím, jaké souvislosti mohou přestavby v pohlavních chromosomech nést pro evoluci pavouků jako takových?
- Zajímalo by mě také, jestli jsou pohlavní chromosomy pavouků studovány na sekvenční úrovni a jestli bude možné v budoucnu zjistit do jaké míry jsou tyto chromosomy mezi taxony homologické.

Návrh hodnocení oponenta (známka nebude součástí zveřejněných informací)

☒ výborně ☐ velmi dobře ☐ dobře ☐ nevyhověl(a)
Podpis oponenta: