

RNDr. Petr Nguyen, Ph.D.

Přírodovědecká fakulta JU

Branišovská 1760, 37005 České Budějovice

Věc: Oponentský posudek na diplomovou práci

Diplomová práce Bc. Marka Jankáska se zabývá fylogenetickou a karyotypovou analýzou vybraných druhů švábů podčeledi Oxyhaloinae. Práce v rozsahu 74 stran včetně 42 obrázků a 7 tabulek je tradičně členěna na úvod, cíle, materiál, metodiku, výsledky, diskusi a závěr.

V úvodu se autor věnuje cytogenetice řádu Blattodea a studované podčeledi Oxyhaloinae. Text se dobře čte a je poměrně přehledný. I tak by mohl být doplněn ještě o kladogram znázorňující vztahy uvnitř čeledi Blaberidae. Autor uvádí, že podčeledi Oxyhaloinae a Diplopterinae jsou sesterské a odkazuje na obrázek 2, který znázorňuje vztahy uvnitř Oxyhaloinae. Kladogram je však zástupcem č. Diplopterinae, *Diploptera punctata*, zakořeněn a nelze z něj tak vyvozovat vzájemný vztah těchto podčeledí. K této části mám několik otázek. Autor zmiňuje multivalenty zaznamenané u laboratorní populace *Blaberus discoidalis*, které jsou výsledkem heterozygotních reciprokových translokací selektovaných v inbredních populacích (str. 3). Nepřevažuje v takových populacích nad selekcí genetický drift? Na str. 6 se autor věnuje kolonizaci Madagaskaru tribem Gromphadorhini. Za informativní považuje rod *Jagrehnia*, který se vyskytuje jak v Africe tak na Madagaskaru. Je důvod si myslet, že by švábi těchto dvou skupin osídlili Madagaskar současně? Pokud jde o nezávislé kolonizace, o gromphadorhinech nám to moc neřekne.

Cíle práce jsou formulovány jasně. Možná trochu nešťastně je jako hlavní cíl uvedena fylogenetická analýza, která je však v metodách a výsledcích až na druhém místě. V kapitole věnované materiálu jsou v tabulce 1 poskytnuty detailní informace o jeho původu. Jen vysvětlivky by měly být uvedeny pod tabulkou. Oceňuji zařazení obrazových tabulí se studovanými druhy švábů. Metody jsou sepsány jasně a detailně. Bohužel, složení teměř všech reakčních směsí a roztoků není uvedeno ve finálních koncentracích reagensů, ale jako přidaný objem bez udání koncentrace. Takto zapsané v podstatě neumožňují zopakování experimentů. Autor v textu uvádí, že gen pro 18S rRNA byl sekvenován ze tří fragmentů, což dost zvyšuje sekvenční náklady. Nebyl by dostatečně informativní jeden ampikon 18S rDNA? Vyplatí se vynaložené úsilí a prostředky?

Autor provedl fylogenetickou a cytogenetickou analýzu 25, respektive 16 druhů švábů. Získané výsledky karyotypování zpracoval do karyogramů a obrazových tabulí. Ačkoli autor uvádí výsledky morfometrické analýzy karyotypu, tyto nejsou v práci ukázány. Není mi tak jasné, jak moc tato analýza umožňuje identifikaci individuálních chromosomů (např. u *Simaoa conserfariam* je uvedeno, že rDNA lokus leží na chromosom 16) ani kolik komplementů bylo měřeno. Velké úsilí bylo zjevně vloženo do sestavení karyogramů. Mám však pochybnosti o smysluplnosti tohoto počínání, když jsou párovány chromosomy, které k sobě zjevně nepatří jako je tomu u *Gromphadorhina portentosa*. Neměly by být tyto chromosomy ponechány samostatně nebo případně sestaveny to trojic, když se předpokládá jejich vznik fúzí? U *Aeluropoda insignis* se dále uvádí, že je chromosom X snadno odlišitelný jako nejdelší a nepárový element karyotypu. Osobně bych v karyogramu na obrázku 17 chromosom X spároval s větším chromosomem z prvního páru. Pokud by byl chromosom X skutečně největším elementem, neměl by být tento v metafázi II sesterských spermatocytů (obrázek 18b) jen jeden?

Diskuse je pečlivě zpracovaná a našel jsem v ní odpovědi na spoustu otázek, které mě v průběhu čtení práce napadly. Některé části diskuse pro mě byly vysloveně inspirativní. S přihlédnutím k fylogenetickým vztahům autor diskutuje chromosomální variabilitu s empirickými i teoretickými

poznatky o možné prospěšnosti chromosomálních přestaveb v adaptaci na stres, ale zmiňuje i alternativní hypotézy. Opomíjený je pouze genetický drift zmíněný již výše, který je v laboratorních chovech nebo při šíření skrze ostrovy velmi pravděpodobný. Detailní popis pozorovaných fúzí má být předmětem budoucího detailního výzkumu. Vzhledem k tomu, že mají tyto fúze teoreticky omezit rekombinaci mezi lokálně adaptovanými alelami, nabízí se také otázka jak lze tyto alely identifikovat. V kapitole věnované dynamice rDNA klastrů je diskutována také variabilita v distribuci 5S rDNA. Zde bych však byl opatrný, protože geny pro 5S rRNA nejsou součástí transkripční jednotky genů pro hlavní rRNA a evoluční mechanismy, kterým podléhají mohou být dosti odlišné. Také transposabilních elementy R1 a R2 se vkládají do 28S rDNA a tudíž se nedá říct, že se vyskytují ve stejných místech jako *Rex1* kolokalizovaný s 5S rDNA. V budoucím studiu autor uvažuje o kolokalizaci rDNA s mobilními elementy. Jak by identifikoval kandidátní elementy pro mapování? Na straně 60 je uvedeno, že pro „ověření dosažení rozdílných pozic rodu *Rhyparobia* při zastoupení pouze mitochondriálního nebo jaderného typu markerů v analýzách“, byly provedeny výpočty topologií pro jednotlivé typy odděleně. Tyto chybí ve výsledcích. Stejně tak by mě zajímala informativnost jednotlivých genů použitých v analýze. Poslední krátká kapitola diskuse se zabývá průběhem meiosis a na závěr se příliš nehodí.

Po formální stránce práce obsahuje poměrně dost překlepů. Použité zkratky nejsou definovány. Citovaná literatura je v textu poněkud neobvykle řazena abecedně. V seznamu literatury pak nejsou správně abecedně řazeny publikace se stejným prvním autorem. Práce Bergamaschi et al. (2007) je uvedena dvakrát. Bourguignon et al. (2019) v seznamu chybí, druhová a rodová jména zde nejsou uvedena kurzívou.

Závěrem mohu konstatovat, že předložená práce bezpochyby splňuje nároky kladené na kvalifikační práce tohoto typu a doporučuji ji k obhajobě.

V Českých Budějovicích dne 11. 9. 2019

RNDr. Petr Nguyen, Ph.D.