



Již přečtení abstraktu diplomové práce Bc. Julie Böhmové ve mně vzbudilo velká očekávání ohledně kvality výsledků a jejich samotné prezentace. Má očekávání rozhodně naplněna byla, a jelikož je práce po všech směrech velmi kvalitní, přistupuji k tomuto oponentskému posudku spíše jako k připomínkování manuskriptu před jeho odesláním do časopisu.

Autorka si klade za cíl rekonstruovat fylogenetické vztahy v rámci jedné z čeledí chalcidek, konkrétně čeledi Megastigmidae (Hymenoptera: Chalcidoidea). Vzhledem k tomu, že tato čeleď zahrnuje jak parazitoidy tak i řadu zástupců s fytofágní výživou larev, autorka si klade za cíl objasnit, která ze strategií je pro danou čeleď původní a případně, zda se alternativní strategie vyvinuly nezávisle u různých skupin. Jelikož má čeleď poměrně široké rozšíření zahrnující několik kontinentů, posledním cílem práce je také stanovit geografický původ této skupiny.

Co je třeba řádně u této práce vyzdvihnout, je fakt, že autorka tyto otázky řeší moderními genomickými metodami, konkrétně sekvenací takzvaných „ultraconserved elements“ (UCEs). Tato metoda rozhodně není triviální a autorka v rámci získávání dat musela prokázat, že si osvojila potřebné dovednosti jak v laboratoři, tak i na poli bioinformatiky. Rozhodně je třeba také vyzdvihnout, že autorka tato data získala během zahraniční stáže ve Francii a získala tak cenné zkušenosti a kontakty do budoucna.

Práce je psaná česky a formálně je na velmi dobré úrovni. Text úvodu a diskuze dobře plyne a informace jsou v těchto částech podávány natolik přehledně, že se v dané problematice snadno zorientují i čtenáři pracující s jinými skupinami organismů. Ohledně používané terminologie, bych měla několik spíše malicherných připomínek, např. při popisu topologie, by bylo lepší se odkazovat na podporu hlubších „vztahů“ nebo „nodů“ namísto „uzlů“. Podobně by bylo lepší se ve výsledné topologii spíše odkazovat na hlavní „klády“ než na „linie“. Dále autorka opakovaně nazývá analýzy rekonstrukce ancestrálních znaků „mapováním“, což je dle mého názoru pouhé přiřazení znaků k dané topologii, nikoli inference na úrovni společných předků.

Laboratorní metody jsou v práci popsány velmi pečlivě a není jim co vytknout, samotné fylogenetické analýzy, (alespoň tak, jak jsou v práci prezentovány) ale představují spíše slabší místo diplomové práce. Chybí informace, v jakém programu byla finální matrice konkatenována, jaká byla okupance na jednotlivých lokusech, nebo alespoň proporce missing data v matrici. **Co přesně autorka rozumí následujícím tvrzením?** „Finální strom včetně bootstrapových podpor byl vypočten metodou Maximální Likelihood v programu RAxML, model GTRGAMMA, celkový počet replikací byl 10.“ Mluví zde autorka o deseti bootstrapových replikách nebo o nezávislých iteracích (ML searches), ani v jednom ohledu není 10 dostačující.

Z mého pohledu získala autorka rozsáhlý dataset, ze kterého by šlo rozhodně tzv. „vymáčknot“ mnohem více. Práci by prospělo analyzovat data kromě ML i dalšími fylogenetickými metodami a výsledky porovnat. Rozumím tomu, že Bayesianké analýzy by byly pro potřeby DP u tohoto datasetu velmi časově náročné, ale tzv. „species tree“ analyses



(ASTRAL) časově náročné nejsou a rozhodně by mohly výsledky obohatit. Součástí této práce je i ancestrální rekonstrukce geografického původu čeledi, který sice byl stanoven do Australské oblasti, ale fylogeografický potenciál dat byl v tomto případě odstaven na druhou kolej, z důvodu potenciálně problematického datování. Osobně zastávám názor, že výsledky datování založené i na ne zcela ideálních parametrech (např. sekundární kalibrace) jsou stále lepší vědeckou hypotézou než je žádná hypotéza. Pokud ale autorka dojde k názoru, že datování je v tomto případě opravdu nemožné (**zde prosím autorku o argumentaci**), doporučila bych alespoň použít programy typu RASP nebo BioGeoBears, které jsou kromě ancestrálního rozšíření schopny detekovat i např. vikarianci, šíření nebo extinkci a umožní interpretaci i biogeografickou.

Výsledky práce jsou prezentovány jasně a přehledně, nicméně bych autorce doporučila tuto část opravdu redukovat na to, co jsou opravdu výsledky této práce. U popisu finální topologie autorka občas sklouzává spíše na pole diskuze, když při popisu jednotlivých klád („linií“) argumentuje i morfologickými podobnostmi daných skupin. To stejné platí i pro Obr. 26, který není de facto výsledkem analýz, ale autorčinou hypotézou na základě výsledků.

Diskuze se mi velmi líbila, ocenila jsem jak diskuzi výsledků práce, tak diskuzi relevance UCEs dat na poli fylogenetiky. Právě díky těmto datům a rozsáhlého samplingu (100 ingroups) autorka získala vysoce podpořenou finální topologii, která jí umožnila posoudit monofylii většiny rodů (11 z 12) řazených do čeledi Megastigmidae. Autorka detekovala v několika případech rodovou para- /polyfylii a upozornila tak na do budoucna nutnou taxonomickou revizi celé čeledi. Na několika místech autorka polemizuje o statusu některých linií, konkrétně navrhuje, že se jedná o nové druhy, případně nové rody. **V tomto ohledu bych se chtěla autorky zeptat, jak by u této čeledi stanovila hranici rodu, tj. na základě čeho by se rozhodla, že něco je již natolik jiné, aby si to zasloužilo status rodu.** Co se týče potravní strategie Megastigmidae, autorka prokázala že parazitoidismus je ancestrálním stavem u této čeledi a k přechodu na fytofágií došlo nejméně třikrát. Důsledky přechodu na fytofágií se pravděpodobně projeví na diversifikaci daného taxonu, ale **mě by zajímalo, zda má autorka nějakou hypotézu, proč k přechodu na tuto strategii došlo.**

Tímto gratuluji autorce k obrovskému kusu práce a jak jsem již předeslala v úvodu, mé komentáře a otázky jsou ve valné většině doporučením, či námětem k diskuzi při dotažení této DP do formy manuskriptu. Práci jednoznačně doporučuji k obhajobě a hodnotím ji jako výbornou.

V Praze 2.9.2020

RNDr. Věra Opatová, Ph.D.