

Vztah velikosti genomu mykobionta s ekologickou strategií lišejníků

Eliška se utkala s nesnadným tématem dát do souvislostí velikost genomu s fylogenezí, morfologií a ekologií lišejníkových mykobiontů. Aby splnila takto komplexní úkol, rozhodla se nejen vyexcerpovat existující data, t.j. známé velikosti genomů a příslušné DNA sekvence, ale doplnila získaný datový soubor o údaje z vlastních měření padesáti druhů. Práce je srozumitelná, stručná, a z mého pohledu čtivá a zajímavá. Do budoucna bych doporučoval zmírnění některých *školometských* tvrzení. Na příklad uvozující věta práce zní: „Jak bude organismus vypadat je definováno jeho DNA“. Tak z části jistě, ale vzhled mnohých organismů s jistotou určuje i kolik toho vypili a jaký život vedli (což také určuje DNA ale patrně i osud a další negenetické faktory).

Než se pustím do kritické části s mnoha výtkami a otázkami, předesílám, že práce přináší nové a cenné poznatky. Doporučuji ji k obhajobě a po úspěšném obhájení navrhuji hodnotit výborně.

Největší kámen úrazu shledávám ve využití r-K strategie coby funkčního znaku. Problém je v jeho definování. **Poprosil bych Elišku, aby nám sdělila, jakým způsobem byly hodnoty r a K druhům přidělovány.** Podle popisu v práci je rozdělení do kategorií r a K založeno na několika primárních funkčních znacích, které jdou často proti sobě. Ve výsledcích a diskuzi se hovoří o korelaci mezi r-K strategií a velikostí spor. Bodejť by nebyly tyto znaky pozitivně korelovány, když r-K strategie je z části odvozena od velikosti spor. **Napadá Tě možnost, jak důvěryhodněji definovat a využít r-K strategii coby funkční znak?**

Objem spor (askospor) je analyzován jako hlavní (a vlastně jediný) morfologický znak. Myslím, že použitý vzorec pro výpočet objemu elipsoidu není vždy zcela správný. Asi se shodneme, že množství jaderné DNA se bude spíše odvíjet od objemu buněčného lumina, než od objemu celé buňky.

V jakých případech se tyto dva objemy výrazně liší? Stejný problém nastává u výpočtu objemů jednotlivých buněk spor. **Ve kterém případě bude Tvůj výpočet patrně nejkreslenější?**

Nedočetl jsem se, jaký mají průměr jádra u studovaných lišejníků. **Dokázala bys nám to přiblížit?** Našel jsem si, že většina hub má jádra o průměru mírně nad 2 μm . To znamená, že jejich objem vychází na více než 4 μm^3 . Zajímavé je, že nejnižší Eliškou naměřená hodnota objemu spory byla 4 μm^3 (patrně u druhu *Acarospora fuscata*, který chybí v souhrnné tabulce?). A tak mě napadá, že do tak malých spor by se rozumně velké houbové jádro nevešlo. Že by tedy u druhů s takhle malými sporami skutečně existoval tlak vedoucí ke snížení množství jaderné DNA? Pravděpodobně tomu tak nebude. **Dovedla bys říct proč? (Nápověda – v lišejnících jsou i jiné typy buněk).**

Patrně nejvýznamnějším výsledkem práce je zjištění enormně velkých genomů u lišejníků rodu *Peltigera*. Souvisí to možná se sinicovým fotobiontem, ale tato souvislost nebyla potvrzena, protože cyanolišejníky (tedy lišejníky se sinicemi) jsou v datovém souboru nedostatečně zastoupeny. *Peltigera* je ovšem pozoruhodný rod také svou komplexní potravní strategií, a to by mohlo s velkými genomy souviset. **Dokázala bys sama říci, čím je tento rod potravně výjimečný? (Nápověda – studie týmu Beckett et al.).**

Na tenký led se dostáváš při srovnávání svých měření genomů s publikovanými údaji. Je velmi přínosné, že jsi přeměřila 13 druhů, od kterých již byly velikosti genomů známé. V diskuzi tuto důležitou část uzavíráš tím, že Tvé výsledky zhruba odpovídají publikovaným údajům. To ale není vždy pravda – ve třech případech se Tvá měření liší od publikovaných zhruba o čtvrtinu. A nyní to důležité: u těchto třinácti druhů analyzuješ pouze publikované údaje a ty své nikoliv. **Znamená to, že nedůvěřuješ vlastním měřením? Jak by bylo možné jednoduše posoudit, co stojí za těmi rozdílnými hodnotami, zda variabilita velikostí genomů, či chybná měření (ať Tvá nebo publikovaná)?**

Tři druhy lišejníků jsi opakovaně proměřovala z různých lokalit, abys popsala vnitrodruhovou variabilitu genomu. Zatímco u dvou druhů byla měření poměrně uniformní, u *Physcia stellaris* byla velikost genomu značně variabilní nejen mezi lokalitami ale i mezi opakovanými měřeními téhož vzorku. Patrně pro tyto rozdíly mezi měřeními nebyla *P. stellaris* zařazena do analýzy dat. **Je takto nápadná variabilita v rámci druhu ojedinělým jevem zjištěným pouze u *P. stellaris*? Čím to může být způsobeno?**

Substrátové preference. Připadá mi nesprávné používání kategorie „terikolní“ pro většinu druhů vypsaných pro tuto kategorii v tabulce b. Tyto druhy se vyskytují často epifyticky a epixylicky, někdy dokonce častěji než terikolně. Možná by bylo rozumnější použít pouze dvě kategorie substrátových preferencí, a to preferující organické versus anorganické substráty. **Souhlasíš?**

Obrázek 12 na straně 37 není v pořádku. **Proč?**

V Českých Budějovicích, 31.1.2022

Honza Vondrák