



BIOLOGICKÉ CENTRUM AV ČR, v.v.i.

Entomologický ústav

adresa: Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice  
telefon: +420 387 775 211  
fax: +420 385 310 354

IČ: 60077344 | DIČ: CZ60077344  
č. účtu: 6063942/0800, Česká spořitelna Č. Budějovice  
www.entu.cas.cz | e-mail: entu@entu.cas.cz

## OPONENTSKÝ POSUDEK

na doktorskou dizertační práci Mgr. Zuzany Majtánové

### **Molecular cytogenetics of selected actinopterygian fishes: insight from repetitive sequences to whole genome analyses**

Disertační práce Z. Majtánové se zabývá molekulárně-cytogenetikou analýzou variability karyotypů bazálních i vyšších linií ryb s cílem přispět k poznání evoluce jejich genomů a k upřesnění fylogenetických vztahů zejména mezi bazálními skupinami.

Teze práce jsou psány dobrou angličtinou. V úvodní části autorka stručně shrnuje obecné informace o rybách, jejich diversitě, evoluci a fylogenetických vztazích mezi hlavními liniemi. V další kapitole blíže specifikuje dílčí cíle práce, postrádám však definování hlavního cíle disertace, jenž vyplývá z abstraktu a následujícího literárního přehledu, ale není zdůrazněn v této kapitole. V literárním přehledu jsou naprosto přesně a profesionálním způsobem shrnuty dosavadní poznatky o struktuře genomů ryb včetně recentních poznatků, získaných jejich sekvenováním, dále údaje o klíčových událostech v evoluci genomů ryb a o cytogenetice ryb včetně nejpoužívanějších metod a včetně významu využití metod molekulární cytogenetiky a cytogenomiky pro řešení specifických evolučních otázek. Zaujala mě zejména série genomových duplikací, které se podílely na evoluci ryb a jejich jednotlivých linií. Zjistil jsem jediný drobný nedostatek – práce Cabral-de-Mello & Martins (2010), Gornung (2013) a Hillis & Dixon (1991), citované na str. 20, chybí v seznamu literatury. K této části práce mám jediný dotaz:

Co znamená a čím se vyznačuje “intra-lacustrine speciation”?

Hlavní součástí disertace je pět původních prací v renomovaných vědeckých periodících a jedna metodická kapitola v anglicky psané knize, publikovaných v letech 2013 až 2017. Zuzana Majtánová je prvním autorem dvou publikací, vyšlých v roce 2016 v *PLoS ONE* respektive v roce 2017 v *Journal of Experimental Zoology*, a spoluautorkou čtyř publikací. Její podíl na výzkumu a přípravě rukopisů je upřesněn u každé publikace zvlášť. Výsledky byly získány pomocí široké škály metod standardní a molekulární cytogenetiky a s využitím v laboratoři připravených genových a repetitivních sond pro lokalizaci chromosomálních markerů jako např. rDNA, U2 snRNA, mikrosatelitů a transpozónů. V publikaci Majtánová *et al.* (2016) byly využity i celogenomové sondy pro srovnání chromosomálních sad klonálních hybridů sekavců a jejich sexuálních předchůdců metodou GISH (“genomic *in situ* hybridization”). Výsledky jednotlivých publikací jsou přehledně shrnuty a diskutovány v kapitole 5. Protože publikace prošly náročným recenzním řízením a nepřísluší mi je podrobovat další kritické analýze, omezím se pouze na několik doplňkových dotazů (viz níže). Podotýkám, že kromě mimořádně zdařilé obrazové dokumentace výsledků molekulárně cytogenetických a fylogenomických analýz obsahují některé publikace též bioinformatické analýzy sekvencí DNA, které autorka férově v tezi disertace nezmiňuje, neboť se na nich zřejmě nepodílela.

### Doplňkové dotazy

(1) Překvapilo mě, že v tezích disertační práce ani v publikacích téměř nejsou zmiňovány a diskutovány pohlavní chromosomy. Znamená to, že studované linie ryb nemají pohlavní chromosomy diferencované? U kterých linií či skupin ryb jsou pohlavní chromosomy cytogeneticky identifikovatelné a jaké systémy determinace pohlaví jsou pro ně charakteristické?

(2) U kaprouna *Amia calva* (Majtánová *et al.* 2017) upozorňujete na kontroverzi mezi vašimi cytogenetickými výsledky, které naznačují podobnost jeho karyotypu s kostnatými rybami (Teleostei), a výsledky recentních fylogenomických analýz na základě osekvenovaného genomu kostlín skvrnitého (*Lepisosteus oculatus*), které jednoznačně podporují monofyletický vztah kostlínů s kaprounem. Máte pro tuto kontroverzi nějaké vysvětlení nebo hypotézu?

(3) V práci Symonová *et al.* (2013) je formulována hypotéza, že retrotranspozon *Rex1* je zodpovědný za zmnožení klastrů 45S rDNA v genomu endemického druhu síha *Coregonus fontanae*, na rozdíl od příbuzného druhu *C. albula*. Uvádíte též, že jednotky 45 rDNA s inkorporovanými retrotranspozony jsou pravděpodobně nefunkční. Máte pro toto tvrzení nějaký důkaz? Co když jsou traspozony inkorporovány do mezigenové oblasti (tzv. "intergenic spacer") a na transkripci rDNA nemají tudíž žádný vliv?

### **Závěr**

Disertační práce Zuzany Majtánové významným způsobem přispívá k poznání struktury a variability karyotypů a objasnění evoluce genomů bazálních a některých vyšších linií ryb. Je přesvědčivým dokladem jak laboratorních dovedností autorky při aplikaci standardních cytogenetických metod i pokročilých metod molekulární cytogenetiky na nemodelové objekty, tak i jejích schopností vědecky zpracovat získané výsledky a zapojit je do kontextu současného poznání cytogenetiky a cytogenomiky ryb. Předložená práce splňuje požadavky kladené na disertační práce a jednoznačně ji

**doporučuji ji k obhajobě v doktorském studijním programu Zoologie**



František Marec

V Českých Budějovicích, 24. ledna 2017