

Posudek na diplomovou práci Aničky Kynčlové „Revize komplexu *Synura petersenii* Korshikov (Synurophyceae, Heterokontophyta) na základě syntézy molekulárních a morfologických dat.“

Předložená diplomová práce přináší zcela unikátní studii zabývající se kryptickou diverzitou šupinatých chrysomonád na modelovém organismu *Synura petersenii*. Šupinaté chrysomonády představují v současné době jednu z mála protistních skupin, kde je dosud široce uplatňován morfologický koncept druhů, tj. jednotlivé druhy jsou určovány a popisovány na základě rozdílů v morfologii křemičitých šupin, pokrývajících buňky. Morfologie šupin je u této skupiny organismů považována za druhově velmi specifický znak, který je dokonce používán i pro odhad evoluční historie jednotlivých rodů (viz sekce v rodu *Mallomonas*). Rozdíly v morfologii šupin u tradičních druhů jsou pak považovány za pouhé formy vzniklé jako odpověď na rozdílné parametry prostředí. Výsledky diplomové práce, odhalující nečekaně velkou skrytou diverzitu uvnitř jediného druhu *S. petersenii*, nyní jasně demonstrují slabiny použití výhradně morfologického druhového konceptu u šupinatých chrysomonád. Obrovská skrytá diverzita a nepoužitelnost tradičních morfologických znaků pro druhové definice může být dobře ilustrována tím, že pouze tři z osmi objevených kryptických linií lze na základě morfologie přiřadit k některému v současnosti popsanému druhu či varietě. I když byl v minulosti morfologický koncept druhů u většiny řasových skupin prokázán jako umělý (zelené řasy, rozsivky, ...), prezentované výsledky diplomové práce jistě způsobí rozruch v dosud velmi tradiční chrysofytní vědecké komunitě.

Po formální stránce je diplomová práce zdařilá. Je psána pěknou češtinou s velmi malým množstvím gramatických chyb. Anička prozkoumala genetickou a morfologickou variabilitu téměř 40 izolovaných kmenů, přičemž samotná izolace, kultivace a získání molekulárních dat je u šupinatých chrysomonád ve srovnání s jinými řasami metodicky a časově náročná. Diverzita synur byla vhodně prozkoumána pomocí dvou nezávislých přístupů (morfologie šupin a molekulární variabilita ITS rDNA markeru). Molekulární i morfologická data byla vyhodnocena pomocí rozličných metod (standardní a partitioned BI analýzou byly analyzovány ITS sekvence, morfologické znaky pak byly znázorněny pomocí přehledných box plotů a analyzovány metodami PCA a CDA). Zjištěná data byla diskutována v kontextu současných znalostí o morfologii, taxonomii a ekologii šupinatých chrysomonád. Kvalitu diplomové práce také podtrhuje fakt, že hlavní výsledky diplomové práce byly zpracovány jako rukopis článku zaslaného do časopisu *Nova Hedwigia*. Rukopis je v současnosti přijat k publikaci po splnění výhrad a připomínek recenzentů.

K práci mám následující připomínky a dotazy:

- Na str. 7 chybí v první větě v kapitole 2.3. správný odkaz na tabulku.
- V legendě k obrázkům 2 a 3 chybí vysvětlení, proč jsou větve 7 a 8 vybarveny jiným odstínem než ostatní linie.
- Box ploty morfologických dat na straně 22 by mohly být vtištěny kvalitněji.
- Z prezentovaných výsledků je jasně patrný nesoulad mezi genetickou příbuzností jednotlivých linií a jejich morfologií či biogeografií. Například geneticky nejvíce příbuzné linie 5 a 8 se odlišují nejen morfologií šupin (velká plocha foramenu u linie 5), ale především jejich výskytem (linie 8 nalezena pouze ve Skotsku, zatímco linie 5 jen v Čechách; linie 8 nalezena v nízkých nadmořských výškách, zatímco linie 5 ve výškách přesahujících 1000 m n.m.). Jak si tento nesoulad vysvětluješ? Je opodstatněné považovat fylogenetický strom založený na ITS rDNA sekvencích („gene tree“) za obraz reálné evoluce druhů („species tree“)?

Závěr:

Celkově považuji předloženou práci za velmi kvalitní a zcela postačující k obhajobě.

Navrhuji známku **výborně**.

V Praze, dne 18.5.2009

Pavel Škaloud