

Posudek na diplomovou práci Markéty Koprnické **Fylogeografie a invazní cesty druhu *Proasellus coxalis* s.l. (Crustacea: Isopoda)**

Vypracoval Mgr. Radek Šanda, Ph.D., Národní muzeum

Práce Markéty Koprnické se zabývá analýzou genetické struktury populací stejnonožce *Proasellus coxalis* z území ČR, kde je považován za nepůvodní druh. Práce je přehledně uspořádána v klasickém členění od úvodu po diskuzi. Grafická a formální úprava textu, obrázků a tabulek je velmi zdařilá.

V úvodu je podrobně probána problematika šíření vodních bezobratlých živočichů a to jak přirozenou cestou, tak i za přispění lidských aktivit, což je vzhledem k cílům práce zcela logické. Velmi oceňuji přehledné znázornění a uvedení posloupnosti při zprovozňování umělých vodních cest, v současnosti propojujících evropská povodí. Následují taxonomické a ekologické informace, se zahrnutím informací pro rozlišení *Proasellus* od mnohem běžnější berušky vodní (*Asellus aquaticus*), což opět považuji za velmi užitečnou informaci pro širokou odbornou veřejnost. Úvod uzavírají informace o znalostech o rozšíření druhu na území ČR a o taxonomickém zařazení.

Metodika je založena na srovnání mitochondriálního genu COI, široce používaného pro účely fylogeografických studií korýšů. Pro vyhodnocení dat byly použity základní metody, pro fylogeografické účely haplotypová síť a pro fylogenetické distanční metoda neighbour-joining. I když je NJ pro práci podružný, přesto by bylo vhodné uvést v metodice informace o počtu použitých replikací pro vyhodnocení podpory věrohodnosti výsledného stromu. Dále by bylo vhodné uvést informace o použitém evolučním modelu, viz např. možnosti nastavení parametrů v programu MEGA.

Drobná obecná výtka směřuje k popiskám tabulek a obrázků, kdy jsou někdy detailní informace uvedeny v textu, zatímco popisky tabulek a obrázků jsou v některých případech nedostatečné. Obrázky a tabulky by měly vždy mít podrobnou legendu, aby je bylo možné pochopit bez nutnosti vyhledávat informace v textu.

Výsledky jsou prezentovány přehledně a srozumitelně. Při pohledu na haplotypovou síť na obr. 13 se však nemohu ubránit pocitu, že fylogenetický strom by ukázal vztahy mezi populacemi přehledněji. V tomto případě jsou genetické vzdálenosti mezi liniemi poměrně velké, nejmenší je podle tabulky 5 přes 2%. Haplotypové sítě jsou vhodnější pro znázornění vztahů velmi podobných haplotypů či pro znázornění vztahů nukleotypů s možností zahrnutí rekombinací. Na základě pozice v síti navíc nelze vyvozovat závěry o tom, který haplotyp je evolučně původní. Výsledky jsou však každopádně naprosto jasné, pokud jde o identifikaci evolučních linií, a ukazují na nutnost podrobné revize komplexu *P. coxalis*.

Velmi zajímavé a nečekané jsou pak také výsledky srovnání genetické diverzity populací z ČR, kde byly nalezeny dvě zřetelně odlišné evoluční linie. Zavádějící jsou informace v tab 1 a 2, protože jsou do stejných oblastí zahrnuty vždy obě značně odlišné skupiny haplotypů. Zahrnutím dvou skupin se vzdáleností 6%, přítomných ve všech povodích, logicky dostaneme

v každém povodí střední hodnotu přibližně poloviční, v závislosti na přítomnosti konkrétních haplotypů.

Fylogenetický strom vypočtený na základě markeru 28S (obr. 17) je bohužel zcela neinformativní; zdá se, že zvolený marker je velmi konzervativní. Také podpora linií je velmi slabá. Lepší by bylo použít i pro tvorbu stromu pro studované populace sekvence genu COI, který má mnohem více informativních pozic.

Také diskuze je kvalitní a vyvozované závěry logické a podpořené prezentovanými daty. Osobně mě velmi překvapila míra genetické divergence, při které se u korýšů stále uvažuje o stejných druzích. U obratlovců jsou podobné divergence pozorovány často ne na druhové, ale na rodové úrovni (>15%). Kdyby se jednalo o ryby, tak na základě dat z této DP (rozdíl 6%) by se na území ČR vyskytovaly dva druhy, které se dostaly sekundárně do kontaktu. Z nich jeden druh je jistě nepůvodním invazním druhem.

Přes drobné výtky práci považuji za velmi zdařilou, přinášející zásadní nové poznatky a plně ji doporučuji k obhajobě.

Otázky:

V diskuzi je zmíněn možný nedávný tok genů, kterým se vysvětluje přítomnost stejného holotypu genu 28S u populací z ČR a z části Středomoří. Podle mě jde však o důsledek konzervativnosti genu a tedy nekompletního oddělení linií. Kdyby šlo o tok genů, jak by se to projevilo na COI?

Kterému haplotypu z linie B (řekněme *P. banyulensis*) jsou nejbližší haplotypy z ČR? Tedy z které geografické oblasti nejspíše pocházejí? Z dat v práci to nelze určit. Je některý haplotyp sdílen s populacemi z předpokládaného původního areálu výskytu?

Jak je to vlastně s taxonomií rodu *Proasellus*? Při pohledu na internetové databáze existuje několik desítek druhů. Jako ichtyolog nemám představu o identifikaci druhů v rámci tohoto rodu. Je možné, že by linie A mohla být ve skutečnosti jiný druh z tohoto rodu?

*Radka Vauclova*