

Posudek školitele na diplomovou práci:

**Jaroslav Zahradníček: Velikost genomu a evoluční trendy rodu *Hieracium* L.**

Diplomová práce byla zadána v rámci projektu zaměřeného na rekonstrukci fylogenetických vztahů v rodu *Hieracium* s.str. (excl. *Pilosella*) na základě sekvencí vybraných úseků jaderné (ETS, ITS) i chloroplastové DNA a single- a low-copy genů. Vzhledem k obrovské diversitě rodu a množství hybridních/hybridogenních typů byly zahrnuty pouze tzv. hlavní druhy, tj. druhy u kterých se nepředpokládá hybridní původ (přes 40 druhů). U souboru spolehlivě určených pěstovaných rostlin z přírodních populací pak byla (vedle molekulárních analýz) zjišťována velikost jaderného genomu, počet chromozomů (možnost aneuploidie) a způsob reprodukce – právě tyto 3 části byly náplní předložené diplomové práce. Téma práce sice zapadalo do širšího projektu, bylo ale současně do jisté míry samostatným blokem a umožňovalo tak diplomatovi samostatně řešit určitý okruh otázek.

Fylogenetická rekonstrukce ukázala velmi silně podpořené rozdělení druhů do dvou skupin na základě jejich předpokládaného geografického původu – na 'západní' a 'východní' skupinu. V rámci obou skupin pak je ale velké množství bazálních polytomí – to do značné míry ovlivnilo i postup řešení diplomové práce. Původně se počítalo s interpretací paternu velikostí jaderného genomu i korelací mezi velikostí genomu a ekogeografickými faktory (nadmořská výška, geografická poloha) ve fylogenetickém kontextu (independent contrast, GLS metody), což ale nebylo zcela proveditelné (programy vyžadují dichotomii). Zásadní otázkou tak zůstalo, zda se zástupci dvou základních skupin (západní a východní) liší velikostí jaderného genomu.

Vzhledem k tomu, že diplomová práce byla součástí většího projektu, byla část rostlin v době jejího zahájení již v kultuře nebo byla sebrána jinými sběrateli. Přesto diplomant sebral nezanedbatelnou část analyzovaných rostlin, a dá se snad i říci že právě tu nejcennější (podařilo se mu přivést druhy po kterých jsem sám léta marně toužil). Pro měření velikosti genomu byla zvolena standardní metoda průtokové cytometrie, u stejných rostlin pak byl metodou kastrace (u polyploidů kde šlo o prokázání apomixie) či izolace (u diploidů kde šlo o zjištění podílu pasivní autogamie) úborů zjišťován způsob reprodukce. Získaná data jsou správně interpretována, autor prokázal dobrou znalost literatury a orientaci v oboru, i schopnost vhodným způsobem obhajovat svoje myšlenky a nápady. Prokázal jak schopnost samostatně řešit zadané téma, tak i schopnost spolupracovat v rámci širší pracovní skupiny.

Pro diskusi navrhuji dvě otázky:

1) Vzhledem k tomu, že fylogenetický strom není striktně dichotomický, nelze v plném rozsahu použít některé programy (Bayes Traits etc.) na testování vlivu fylogeneze na uspořádání velikostí genomu. V práci byly použity některé postupy pro prokázání určujícího vlivu fylogenetického faktoru na velikost genomu, dal by se ale použít ještě jiný způsob jak prokázat že rozdíly ve velikosti genomu mezi 'západními' a 'východními' druhy jsou dány fylogenezí?

2) V části věnované způsobům reprodukce u polyploidních rostlin bylo srovnáváno procentuální zastoupení plných nažek u kastrovaných a kontrolních úborů. Téměř ve všech případech se ukázalo, že více plných nažek je v kastrovaných úborech (i když rozdíly vesměs nebyly statisticky významné). Byly nějaké podobné rozdíly (týkající se vedle procentuálního zastoupení plných nažek i jejich ploidie) zjištěny při kastracích fakultativně apomiktických polyploidních zástupců (pod) rodu *Pilosella*?

Závěr: Předložená práce je první soubornou studií zabývající se velikostí jaderného genomu v rodu *Hieracium* a významným způsobem pomohla k objasnění evolučních vztahů v tomto rodu. Jednoznačně ji doporučuji k obhajobě. Navrhuji hodnocení známkou 1 (výborně).

V Praze, 20. 5. 2008

Jindřich Chrtěk