

Oponentský posudek na dizertační práci Jiřího Šmída „Systematics, phylogeny and biogeography of the gecko genus *Hemidactylus* (Reptilia, Gekkonidae) in Arabia and the Near East“

Hlavními cíli dizertační práce Jiřího Šmída bylo zrekonstruovat fylogenetické vztahy gekonů rodu *Hemidactylus* na základě molekulárních markerů, interpretovat je z hlediska historické biogeografie a navrhnout změny taxonomie tak, aby co nejlépe odrážela nově získané poznatky.

Těžiště práce tvoří šest delších nebo kratších publikací, z nichž za nejdůležitější z hlediska záběru, rozsahu a podílu doktoranda je možné považovat článek Šmíd et al. (2013; Paper IV) zveřejněný v časopise PLOS ONE, který používá kladistický přístup k rekonstrukci historické biogeografie druhů Arabského poloostrova a přilehlých oblastí Afriky a Asie. Na výsledcích tohoto článku a dalšího molekulárně-fylogenetického článku Moravec et al. (2011; Paper I), zaměřeného na druhy obývající oblast Levanty, potom staví taxonomické revize představené v kapitolách Papers I, II, V a VI, přičemž kapitoly Papers II, V a VI zahrnují kromě taxonomických redeskripcí a popisu nových druhů také podrobné fylogenetické analýzy cílových skupin druhů (*H. turcicus*, *H. saba* a *H. robustus*). Krátký článek tvořící kapitolu Paper III potom rozšiřuje známý geografický areál druhu *H. granchii* o další lokalitu více než 540 km vzdálenou od tří do té doby známých lokalit.

Obecný úvod a závěrečné shrnutí dávají publikovaným pracím jednotný rámeček a zasazují jednotlivá zjištění do obecných souvislostí.

Cením si faktu, že se autor neomezuje na konstatování potřeby změn v taxonomii, která z výsledků jeho práce nepochybně vyplývá, ale cílevědomě dotahuje práci do konce, čehož výsledkem je formální popis čtyř nových druhů rodu *Hemidactylus* a redeskripce dalšího. Je nepochybné, že zde svoji roli sehrála cílevědomost a erudice jeho školitele. Za precizním provedením molekulárních analýz včetně vyhodnocení dat je potom možné tušit zkušenosti některých služebně starších členů laboratoře v Národním muzeu, případně na katedře zoologie, a to i když práce formálně nemá žádné konzultanty.

Kromě vysoké vědecké a formální úrovně musím vyzdvihnout rovněž vynikající grafickou úpravu dizertační práce Jiřího Šmída.

Přes všechny tyto nesporné kvality mám k práci několik konkrétních připomínek/otázek:

Molekulární analýzy

Proč nebylo k osekvenování vzorků s nekvalitní DNA použito namísto jednoho páru více párů primerů (Paper IV, str. 58), které by sice také amplifikovaly kratší fragmenty, ale které by dohromady pokryly celý marker?

Fylogenetické analýzy

Souhlasím, že vzájemná monofýlie v jaderných genech pravděpodobně svědčí o absenci efektivního toku genů a tedy pro druhový status (Paper IV, str. 62). Nemyslím si však, že je možné takto jednoznačně interpretovat vzájemnou monofýlii sekvencí vytvořených konkatenací čtyř genů. Přestože převažující fylogenetický signál zde monofýlii podporuje, nemusí to nutně znamenat, že je vzájemně monofyletický úplně každý ze čtyř genů! Za správnější postup považuji oddělenou analýzu jednotlivých genů, jakou ostatně Jiří Šmíd provedl v některých jiných článcích, které jsou součástí dizertace.

Jak můžeme vědět, že se druh *H. sp. 1* před 7 miliony lety oddělil od sesterského druhu a teprve následně kolonizoval Sinajský poloostrov (Paper IV, str. 68)? Co když divergenci (a speciaci) iniciovala izolace Sinajské populace?

Raději, než že skupina zůstává díky nízké fylogenetické podpoře polytomická (Paper V, str. 95), by bylo vhodnější napsat, že vztahy mezi druhy zůstávají nevyřešené. Domnívám se, že polytomie je vlastnost fylogeneze (ať už realizované nebo rekonstrukce), přičemž ty prezentované na obrázku 2 polytomie nevykazují (alespoň, co se týká vztahů mezi druhy).

Výsledky kapitoly Paper VI podporují poněkud odlišné fylogenetické vztahy mezi čtyřmi druhy v kládu skupiny *H. robustus* než předchozí kapitola (Paper IV), což se stává, a v takovém případě obvykle nezbyvá, než získat více dat, popřípadě aplikovat ještě další metody. Nepřipadá mi však logické uzavřít, že důvěryhodnou tedy zůstává pouze bazální divergence kládu (str. 138). Protože zde jde především o datování, je třeba si uvědomit, že změna vnitřní topologie může přinést i změnu délky větví kládu i jeho hloubky (a tedy i odhadnuté doby divergence).

Taxonomie

Synonymie je v taxonomii tvořena spíše jmény taxonů, než druhy (Abstract).

Typová lokalita taxonu je místo původu jeho názvového typu. Jako taková může být neznámá v případě, že není znám názvový typ taxonu (autor jej např. nedesignoval) anebo není známa lokalita jeho původu. Ke změně typové lokality proto může vést změna názvového typu (designace lektotypu, neotypu) anebo zjištění nových informací o lokalitě jeho původu. Příkladem může být zmíněné zúžení typové lokality *H. granosus* designací lektotypu Mertensem (Paper V, str. 97). Obdobně by proto bylo vhodné postupovat také v případě *H. turcicus*, kde by součástí diskuse týkající se typové lokality (Paper I, str. 37) měla být otázka identity a původu názvového typu. Pokud názvový typ *H. turcicus* nebyl designován nebo není zachován, trvalým řešením může být designace neotypu.

Dizertační práce je rovněž nejednotná ve způsobu použití genetických znaků v diagnóze. To samo o sobě není chyba, ale genetická vzdálenost druhu od jiných druhů (Paper V, str. 99 a 105–106) není vhodný diagnostický znak. Kromě toho, že genetickou vzdálenost je těžko možné považovat za znak druhu, tak obdobnou genetickou vzdálenost od těch stejných druhů mohou snadno vykazovat různé druhy. Pokud mají být genetická data v diagnóze zahrnuta, a já myslím, že mají, tak je vhodnější způsob použitý v případě *H. dawudazraqi*, kterým je uvedení konkrétních autapomorfních substitucí (Paper I, str. 30).

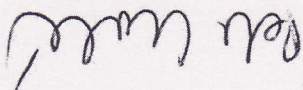
Pochybnosti autora ohledně této otázky mohou být vysvětlením pro absenci genetických znaků v diagnóze *H. robustus*, přestože druhá věta sekce věta slibuje opak (Paper VI, str. 127).

Obecné

Je nějaký důvod, aby slova „gecko“ a „genus“ nebyla v názvu dizertace psána s velkým počátečním písmenem?

Bylo by vhodné pro úplnost uvést, jakou měrou se Jiří Šmíd na jednotlivých aktivitách vedoucích ke vzniku článků podílel (kromě kapitoly Paper I, kde je jednoznačně prohlášení). Rozumím, že doktorand měl jako první autor na většině těchto aktivit hlavní podíl, ale tak, jak je to napsané, by bylo obtížné zdůvodnit účast dalších autorů na člancích i jejich podíly, jak jsou uvedené např. v kapitole Paper IV (str. 69).

Přes tyto výtky považuji dizertační práci Jiřího Šmída za nadprůměrně kvalitní. Věřím, že autor sledá moje připomínky konstruktivními. Nemohu zde použít svoji oblibenou větu, že doufám, že mu budou užitečné při přípravě výsledků k publikaci, protože Jiří Šmíd už všechny publikoval, k čemuž mu srdečně gratuluji. Dizertační práci pochopitelně doporučuji k obhajobě.



RNDr. Petr Kotlík, Ph.D.

V Liběchově 11. května 2015