


**Magda Starcová: Fylogeografie rejska horského, *Sorex alpinus*
(Soricidae, Mammalia)**

Posuzovanou práci (21 str. vč. 3 str. Seznamu literatury) tvoří stručný komentář ke stejnojmenné práci publikované ve Folia Zoologica (2016, 62: 107-116). Téma práce je z více důvodů velmi atraktivní. *Sorex alpinus* je jedním z nejvzácnějších evropských savců, který se jak svými areálovými charakteristikami, tak fylogenetickými vztahy výrazně odlišuje jak od kongenerických forem tak od jiných evropských taxonů. Jeho areál, zahrnující vedle středoevropských alpinských pohoří (Alpy, Karpaty) také severní Dinaridy, Sudetská pohoří a ostrůvkovité výskyty v Harzu a Žďárských vrších, se vymyká areálovým charakteristikám jiných evropských savců – v tomto smyslu představuje *Sorex alpinus*, jeden z mála endemitů širší střední Evropy, chorologický typ mezi našimi savci zcela ojedinělý. Vazba na montánní stupeň a jej charakterisující habitatové komponenty, další aspekty tradičně zdůrazňované v charakteristice tohoto druhu, stejně jako výrazné tendence k podzemnímu životu dokreslují spektrum jeho zvláštností. V tradiční biogeografické literatuře vystupuje jako učebnicový příklad glaciálního reliktu, omezeného na extrazonální výskyty příslušného zonobiomu. Reálné doklady pro tyto interpretace nicméně prakticky chybí. V potravě sov se díky charakteru své prostorové aktivity objevuje zcela výjimečně a již z tohoto důvodu je jeho fosilní záznam - s výjimkou četných subfosilních nálezů z alpských jeskyní - omezen na několik výskytů, které v daných souvislostech neříkají takřka nic. Využití potenciálu molekulárních nástrojů je tedy již z těchto důvodů mimořádně žádoucí a základním positivem posuzovaného projektu je, že pro takovýto postup vytvořil velmi nesamozřejmou materiálovou a metodickou platformu. Autorka shromáždila vzorky DNA z celkem 71 jedinců z 18 lokalit, z 51 kusů získala sekvenační data pro 579bp úsek kontrolní oblasti mtDNA, která dale srovnává standardními postupy fylogeografické analýzy. Konstatuje překvapivě nízkou úroveň diversifikace s nepříliš zřetelným signálem jisté geografické struktury. Uvedená zjištění diskutuje v kontextu vstupní hypotézy o plošném rozšíření početné populace v nížiných oblastech v průběhu glaciálu a současnou fragmentaci areálu dává do souvislosti s poneolitickým odlesněním. Současně ovšem autorka kriticky konstatuje jistou nekompletnost provedených analýz, a zdůrazňuje nutnost návazných šetření a naznačuje jejich směr.

Autorka bezpochyby prokázala dispoziční schopnosti k samostatnému řešení technicky i konceptuálně mimořádně náročného úkolu, výsledná publikace tuto skutečnost celkem jednoznačně dokládá a přeloženou práci tedy pokládám za dostatečný podklad k získání příslušného kvalifikačního stupně. Doplňující otázky připojuji v příloze.


Prof. RNDr. Ivan Horáček CSc.,
oponent

Příloha - Otázky k diskusi:

Dobře nerozumím proč byla (bez bližšího vysvětlení v textu) analýza omezena na hypervariabilní úsek mtDNA - byla provedena nějaká šetření stran standardních markerů typu cyt b, která by tuto volbu zdůvodňovala? Byly provedeny (nad rámec publikovaných dat) pokusy o využití nukleárních markerů - jestli ano, naznačují něco?

Dostí podstatným věcným nedostatkem omezující reálnou výpovědní hodnotu provedeného výzkumu je absence dat z centrální části areálu - z alpské oblasti. V případě vzácných taxonů s omezenou dostupností je velmi žádoucí využít veškeré dostupné záznamy - počítám, že pro daný druh jsou z alpských populací určitě k dispozici sekvenční data v GenBanku - je tomu tak? Jestli ano, byla nějak využita?

Není příliš jasné pro jaké jednotky jsou počítány genetické diversity populace - počty jedinců v Tab. 2 jsou dost jiné než v tab 1 (srv. Alpy 23 vs. 4) - nebyly přehozeny řádky tabulky? Pak by ovšem vycházelo že diversity je nejnižší v Alpách - divná věc. Co tedy vlastně provedené analýzy říkají o genetické diversitě jednotlivých populací? Je všude stejná? Jsou někde známky snížení genetické diversity?

Navrhovaný paleobiogeografický scénář (expanse areálu v glaciálu), konformní s tradičními interpretacemi, by bylo velmi žádoucí konfrontovat s poznatky o stanovištní dynamice glaciálního prostředí. Chladné bezlesí nebylo, počítám, tím co by stanovištním nárokům *S.alpinus* odpovídalo natolik, aby stimulovalo plošnou expansi do oblastí mezi dnešními vikariačními výskyty. Má autorka nějakou konkrétnější představu o této otázce?

Zvídavý dotaz mimo soutěž: co si myslet o výskytu *S.alpinus* v Pyrenejích?