

**Školitelský posudek na diplomovou práci Jany Skopalíkové „Využití metody Hyb-Seq pro rekonstrukci retikulární vnitrorodové fylogeneze: příklad z polyploidního rodu *Curcuma* L. (Zingiberaceae)“**

Předložená diplomová práce je dalším příspěvkem k pochopení evoluce významného rodu z čeledi zázvorovitých a dalším výstupem českého *ginger teamu*, který aplikuje molekulární metody na rozsáhlý sbírkový materiál dr. Leong-Škorníčkové (Singapore Botanic Gardens) a dalších spolupracovníků. Diplomantka se soustředila na fylogenetické vztahy v polyploidním rodu *Curcuma*. Původním záměrem práce bylo pomocí NGS rozklíčovat vztahy mezi allopolyploidy, což se však nezdařilo především kvůli chybějícím bioinformatickým postupům a také kvůli stále krátké délce jednotlivých sekvencí. Místo toho se diplomantka zaměřila na otestování vhodnosti metody Hyb-Seq pro fylogenetické účely a do detailů prozkoumala získaná data (stovky jaderných genů, téměř celé chloroplasty a rDNA region). Toto je druhá práce na Katedře botaniky PřF UK, která metodu Hyb-Seq s úspěchem použila.

Diplomantka pracovala samostatně, naučila se potřebné bioinformatické postupy při zpracování NGS dat, a osvojila si nejrůznější metody konstruování *species trees*. Většinu analýz prováděla v clusteru MetaCentrum. Během studia také absolvovala fylogenomický kurz ve Švédsku.

Práce přinesla poznatky o tom, do jaké míry lze metodu Hyb-Seq využít pro rekonstrukci fylogeneze, především v polyploidní skupině. Práce je dalším krokem na cestě k porozumění polyploidní evoluce v rodu *Curcuma*, i když není vyloučené, že složité vztahy v této skupině nebudou vyřešeny nikdy.

Práci doporučuji k obhajobě.



Praha dne 7. září 2017

Tomáš Fér