

## Posudek oponenta na diplomovou práci Matyáše Hiřmana: Karyotypová diference sekáčů podřádu Cyphophthalmi (Arachnida: Opiliones) na Balkáně

Diplomová práce Matyáše Hiřmana se zabývá cytogenetikou a biogeografií podřádu sekáčů. Jedná se o práci obsahující řadu nových výsledků a poznatků o zajímavém tématu. Práce je standardně členěná, jasně napsaná, na dobré jazykové úrovni, i když s častějším výskytem překlepů. Práce obsahuje 60 stran, tři strany příloh a cituje celkem 82 literárních zdrojů.

V úvodu se autor zabývá popisem studované skupiny; pak nabízí rešerši dosavadních cytogenetických studií u sekáčů a v poslední části vysvětluje unikátnost Balkánského poloostrova z biogeografického pohledu, samozřejmě se zaměřením na sekáče a jejich rozšíření. V metodice a výsledcích pak popisuje postup práce a výsledky svých cytogenetických a molekulárních metod. Celkově v práci nabízí popis karyotypu pro 13 druhů studované skupiny, přičemž u většiny druhů použil vedle metod klasické cytogenetiky i metodu detekce rDNA pomocí fluorescenční *in situ* hybridizace. Další významnou částí práce byla molekulárně fylogenetická analýza sekvenčních dat druhů, které autor studoval cytogeneticky v kombinaci s druhy, které měly známé sekvence z jiných publikací. Analýzu fylogenetických vztahů studovaných druhů pak interpretuje v kombinaci se známým rozšířením těchto druhů. Diskuze je velice kvalitně napsaná a kombinuje a interpretuje všechny získané výsledky s již publikovanými daty pro příbuzné linie. Zejména velice oceňuji analýzu a úvahy nad karyotypovou evolucí uvnitř skupiny, ancestrálním stavem, vznikem pohlavních chromosomů a možnostmi karyotypových přestaveb, které se v evoluci u této skupiny uplatňovaly.

K práci mám několik připomínek a otázek, které nicméně nesnižují její kvalitu:

- Velice mě zaujalo, že pohlavní chromosomy u studovaných druhů jsou tak výrazně morfologicky odlišné od zbytku karyotypu. Zároveň s tím jsem ale narazila na pro mě asi největší nedostatek práce. V práci jsem se nedozvěděla, kolik autor studoval samců a kolik samic. Tato informace byla ve výsledcích sdělena jen pro některé druhy. Uvítala bych například uvést tyto počty v jinak velice zdařilé shrnující tabulce v přílohách. To, jestli byly studovány samice je totiž pro pochopení pohlavních chromosomů zcela zásadní. I pro druh, u kterého autor ve výsledcích uvádí, že chromosomy samice studoval, není k dispozici obrázek. Jak si tedy může být autor jist, že velký často metacentrický chromosom je opravdu X a malý chromosom je Y? Chápu, že je to zažitá představa, že nepárový pohlavní chromosom (tedy Y) je ten degenerovaný, a tedy nejmenší chromosom v karyotypu, ale jsou organismy, u kterých šla diference pohlavních chromosomů jiným směrem a právě na Y chromosomu došlo k rozsáhlým akumulacím heterochromatinu, takže představuje největší chromosom v karyotypu. Bez toho, abychom viděli jasně, že samice má dva stejné obrovské X chromosomy v karyotypu, nemůžeme jednoznačně označit, který z heteromorfního páru je u samce X a který Y. K tomu mám ještě jednu doplňující otázku, a to, jestli má autor nějaké informace, zda je některý chromosom v karyotypu samce výrazně heterochromatinizovaný?

- Ve výsledcích mám jednu technickou výhradu. Obrázky chromosomů, které jsou stěžejní částí výsledků, a tedy celé diplomové práce, jsou příliš maličké a je někdy složité na nich vidět popisované jevy.
- Ve výsledcích k fylogenetické analýze autor píše, že vlastní sekvenční data karyotypovaných jedinců korespondují se sekvenčními daty druhů z GenBank. V této souvislosti bych se ráda zeptala na čtyři druhy *Cyphophthalmus* sp., které jsou součástí práce. To že se jedná o samostatné nepopsané druhy vyplynulo z autorovy vlastní fylogenetické analýzy, nebo jsou sekvence těchto druhů také již uloženy v GenBank?
- Velice zajímavým poznatkem je celkově poměrně vysoká variabilita v diploidním počtu chromosomů sekáčů. S odkazem na předchozí publikace, autor uvádí, že ancestrální pro celou skupinu je pravděpodobně diploidní počet  $2n = 30$  chromosomů. Zajímalo by mě, zda tato úvaha byla vytvořena na základě fylogenetické analýzy stavu znaku v kombinaci se vztahy mezi druhy, nebo je to spíše odhad, založený na celkovém rozložení diploidních počtů chromosomů mezi jednotlivými druhy.

Celkově práci hodnotím velmi kladně. Autor prokázal, že danému tématu dobře rozumí, nashromáždil množství zajímavých a zcela inovativních výsledků. Prokázal schopnost vědeckého uvažování a interpretace vlastních i publikovaných dat. Práci tedy jednoznačně doporučuji k obhajobě.

V Praze dne 7. 9. 2017

RNDr. Martina Johnson Pokorná, Ph.D.