

Posudek na disertační práci:

Ztracený sex: multilokusová DNA evoluce sekavcovitých ryb hybridního komplexu *Cobitis taenia* (Teleostei)

Autor: Lukáš Choleva

Oponent: Pavel Hulva

Disertační práce Lukáše Cholevy se zabývá různými fylogeografickými aspekty evoluční historie sekavců rodu *Cobitis*, s důrazem na fenomény hybridizace, polyploidizace a asexuálního gynogenetického rozmnožování. Práce se skládá z teoretického úvodu, čtyř publikovaných článků a dvou rukopisů. V úvodní pasáži se autor zabývá obecnějšími evolučními souvislostmi různých typů rozmnožování, hybridizace a přestaveb genomu a charakterizuje modelový taxon. Těžiště práce leží zjevně v příspěvcích 4, 5 a 6, kde je Lukáš uveden jako první autor. Co se týče zaměření výzkumu, oceňuji tematickou ucelenost, v chronologické posloupnosti článků je navíc vidět žádoucí trend od popisnějších prací k zajímavým evolučně biologickým přesahům. Výzkum anastomózního prvku v organismálních genealogiích a jeho průvodních efektů jako zásadnějšího hybatele evoluce u obratlovců je jistě podnětným a netradičním polem působnosti a skýtá potenciál pro originální práce. Ty mohou přispět k problematice druhových konceptů, poskytnout nové vhledy do archaických mechanismů buněčného cyklu a ranné evoluce obratlovců a hlavně vnést nové světlo do biologických interpretací různých aspektů pohlavního rozmnožování, což je podle akcentu práce hlavním cílem pretendenta. Další ocenění si práce zaslouží za metodologickou pestrost, vznik práce vyžadoval terénní expedice, pokusy s živými rybami, laboratorní analýzy i aplikace moderní statistiky. V práci se objevuje celá řada experimentálních genetických metod, potřebných k analýzám ploidie i genetické variability (analýza alozymů, mikrosatelitů, karyotypů, množství DNA v buňce, sekvenování mitochondriálních i jaderných genů). Podobně co se týče analýzy dat, můžeme v práci najít celou řadu přístupů od klasických fylogeografických metod až po sofistikované postupy statistické demografie. Silnou stránkou je schopnost zobecnit získané výsledky, autor se rozhodně nedrží při zemi a hledá souvislosti jednotlivých výstupů s aktuálními otázkami současné biologie. Co se týče formy textu, zejména v česky psaných pasážích zaujmou květnaté metafory, mnohé velmi zdařilé, některé i velmi expresivní (např. autor skromně přirovnává svou práci ke střípku mozaiky, aby jej vzápětí použil k podřezání alternativního paradigmatu), některé pasáže jsou však poněkud šroubované a na hranici srozumitelnosti (např. krypticky nešťastná morfologická podobnost, názornost neuniformity asexuality apod.). Množství překlepů nepřesahuje únosnou míru, vytknul bych snad jen ten v názvu modelového taxonu v části předmětová hesla.

První čtyři články prošly recenzním řízením, dají se proto považovat za uzavřené kapitoly. Článek č. 5 týkající se laboratorní přípravy gynogenetické linie pomocí hybridizace rodičovských sexuálních druhů je pěkným příkladem experimentálního ověření významu hybridizace při zásadnějších skokových evolučních změnách a jistě vzbudí ve vědeckém světě ohlas. V rukopise mi chybí podrobnější údaje o analýze mikrosatelitů, záleží ovšem na typu cílového časopisu. Extrémně zajímavé by bylo zjištění dalších detailů biologie a stability získaného šlechtitelského výsledku, jaké jsou plány v tomto směru? Článek č. 6 je podrobnou fylogeografickou analýzou zkoumaného komplexu používající mitochondriální i jaderné sekvenční metody a recenzní řízení se jistě ponese v duchu technických diskusí o detailech použitých statistických metod. Vzhledem ke známé obtíži při odlišování ancestrálního polymorfismu a

starších introgresí a přetrvávajícím nejistotám o rozsahu recentní hybridizace, plánují autoři použití mikrosatelitových markerů?

Obečnější otázka na konec – autor v textu několikrát zmiňuje význam epigenetických fenoménů při hybridizaci. Předpokládá autor roli některých konkrétních mechanismů u studovaného taxonu?

V Praze 8.1.2010

RNDr. Pavel Hulva, Ph.D.