

Oponentský posudek na diplomovou práci Andrey Hájkové „Neutrální genetická variabilita a struktura populací kamzíka horského na Slovensku“

Diplomová práce Andrey Hájkové hodnotí variabilitu, geografickou strukturu a současně genetickou čistotu populací kamzíka horského ve slovenských Karpatech. Tyto otázky jsou relevantní z hlediska ochránářské genetiky, pro informovaný management reliktních populací by bylo výhodou znát úroveň genetické diverzity s vlivem na jejich dlouhodobou existenci, stejně tak jako míru allochtonní introgrese. Tak jako jiné studie ochránářské genetiky používá Andrea Hájková mikrosatelitové lokusy, o kterých předpokládá, že jsou selektivně neutrální.

Předložený text má všechny důležité náležitosti vědecké práce a diplomovou práci Andrey Hájkové proto mohu ohodnotit jako nadprůměrně kvalitní.

Autorka osvědčila schopnost orientovat se v problematice ochránářské genetiky a dobře zvládla použití mikrosatelitů, které stále ještě představují zlatý standard v tomto oboru, včetně vyhodnocení a interpretace získaných dat.

Na druhou stranu je třeba uvést, že některé analýzy nejsou úplně dobře prezentované a interpretace jsou někdy trochu jednostranné.

Z metodického hlediska mně v práci chybí zhodnocení pravděpodobnosti, že dva kamzíci ponесou stejný genotyp (tzv. probability of identity). Při použití neinvazivně získaných vzorků jde o klíčový krok. V případě, kdy je variabilita nízká a příbuznost vysoká, může jednoduché vyloučení identických genotypů z datového souboru negativně ovlivnit výsledky (viz Taberlet a Luikart, 1999, *Biol J Linnean Soc* 68, 41–55).

Výsledky analýzy s programem NewHybrids nejsou v práci uvedeny, přitom interpretace posteriorních pravděpodobností ve smyslu přítomnosti nebo absence jednotlivých hybridních kategorií v populaci nemusí být triviální. Je to škoda, protože výsledky analýzy Structure nejsou zcela jednoznačné, většinou jedinců z NT totiž vyšla příměs z VF a SR $Q > 0$ (obrázky 14 a 15). Kritérium $Q > 0,15$ je při 18ti lokusech pro identifikaci BC konzervativní (viz Vaha a Primmer, 2006, *Mol Ecol* 15, 63–72). V metodice také není úplně jasně uvedeno, jaké všechny hybridní kategorie byly v analýze s NewHybrids uvažovány. Z BC to byly jen BC1 nebo také BC2 a další?

Metodika také uvádí test Hardy-Weinbergovy rovnováhy s programem Genepop, ale není uvedena metoda, a nenašel jsem ani výsledek, pouze u testu Fis (z programu Fstat).

Z programů vhodných k odhadu N_e pro autorčina data doporučuji pozornosti Migrate-n, který odhaduje současně jak N_e tak migraci mezi populacemi.

Práce se nevyjadřuje k tomu, nakolik byly alely sdílené mezi populacemi. Mohlo by to pomoci najít odpověď na otázku, nakolik jsou rozdíly mezi populacemi výsledkem efektu zakladatele, driftu a mutací. Byly například alely v introdukovaných populacích podmnožinou alel zdrojových populací?

Pozor na některé terminologické a konceptuální nepřesnosti:

Genetický drift je důsledkem, ne alternativou, bottlenecku (strana 17).

V kapitole 3.2 se jedná spíše o populační (nebo také populačně-genetickou) strukturu než o genetickou strukturu populací, což je rozdíl.

Tandemová repetice je opakování se určitého motivu, ne motiv samotný (strana 19).

Domnívám se, že po odstranění některých nedostatků vytvoří výsledky práce Andrey Hájkové solidní základ pro publikaci ve vědeckém časopise. Věřím, že autorka shledá moje připomínky konstruktivními, a že jí budou při přípravě publikace užitečné. Diplomovou práci doporučuji k obhajobě.