

Oponentský posudok dizertačnej práce RNDr. Dariny Koubínovej Fylogeneze vybraných druhov letounů Afriky na základě cytogenetického a molekulárneho prístupu.

Darina Koubínová napísala dizertačnú prácu, ktorá obsahuje dva publikované články a jeden rukopis poslaný do redakcie. Všetky články sa týkajú netopierov z pohľadu evolučnej história ich karyotypu alebo molekulárne genetickej fylogénézy. Práce sa prednostne zameriavajú na netopiere zo Západnej Afriky.

Dizertácia predstavuje impozantný rozsah objavov, ktoré majú potenciál k odlišeniu viacerých druhov nových pre vedu. Vysoko hodnotí podporu, ktorú autorka pre rozlíšenie druhov nazbiera. Nielenže ukázala, že molekulárne geneticky sú niektoré línie natoľko odlišné, že divergencia poukazuje na dlhodobé oddelenie populácií, ale zároveň tieto zistenia podporila charakterizáciou karyotypov, ktoré boli pre určité línie diferencované. Vnímam pozitívne, že v dizertačnej práci autorka našla cytogenetickú variabilitu u viacerých druhov v rámci skupiny, ktorá má tradične konzervatívny karyotyp. Ukázala tým užitočnosť cytogenetického štúdia pri odlišení kryptickej diverzity.

Bohužiaľ, smola dr. Koubínovej je, že osobne dávam prednosť prezeraniu niekoľkých obrázkov pred čítaním mnohých písmen. Začala som teda čítať text s jasou predstavou, čo by som v ňom mala nájsť na základe výsledkov v obrazových materiáloch a tabuľkách, ktoré boli v práci uvedené. Našla som rozdiely oproti očakávaniu. Na viacerých miestach práca interpretuje výsledky zavádzajúco a s nedostatočným podložením. Napríklad, na str. 67 sa píše, že pre rody *Rhinolophus* a *Hipposideros* karyotypové dáta poskytujú užitočné fylogenetické znaky na rozlíšenie niektorých evolučných skupín. Následujúci článok o čeľadi Molossidae uvádza na str. 78, že autori neodhalili fylogenetický signál v chromozomálnej variabilite. U rodu *Neoromicia* v treťom článku na str. 108 je zmienka, že karyotypy neboli užitočné pre rozlíšenie hlbokých vzťahov v líni, ktoré ukázali molekulárne genetické výsledky. Potiaľ by sa dalo akceptovať, že využiteľnosť cytogenetickej variability pri odhadovaní fylogenetických vzťahov je pre rôzne skupiny odlišné. Avšak na obr. 3, str. 27 sú okrem iných vyzdvihnuté druhy *Neoromicia somalica*, *N. nana* ako príklady s významne odlišnými karyotypmi. Aké je teda celkové hodnotenie autorky pre využitie karyotypovania k rozlíšeniu vzťahov medzi taxónmi?

Ešte zásadnejší rozdiel medzi výsledkami a textom je však pri interpretácii fylogenetickej pozície druhu *Pipistrellus rueppellii*. Autorka opakovane zdôrazňuje, že tento druh je bazálny pre skupinu zahrňujúcu rody *Pipistrellus*, *Nyctalus* a *Glischropus*, čo však platí len pre analýzy, ktoré zahrňovali gény *rag1* a *rag2* (obr. 6S), prípadne aj *cytb* (obr. 1S, 2S, 8S), pokiaľ lokus *cytb* neboli spojený s lokusom 12S a tRNA^{Val} (obr. 5S). Nenašla som diskusiu, ktorá by toto zdôvodňovala, ale naopak našla som opakovane zmienky o podpore daného tvrdenia pre gén *nd1* a dataset génu *nd1* z práce Mayer et al. (2007), čo nie je pravda z obrázkov 4S a 7S.

Ocenila by som vysvetlenie postavenia *P. rueppellii* vzhľadom k mojim pozorovaniam.

Podobne špekulatívna môže byť aj interpretácia pozície druhov *Eptesicus nasutus*, pre ktorý sú k dispozícii len sekvencie génov *cytb* a *nd1*, a druhu *E. dimissus* s lokusom 12S až 16S a *rag2*.

Autorka opakovane používa identické sekvencie pre fylogenetickú analýzu, čo je nesprávne. Zvyšuje to komplexitu vyhľadávania optimálnej topológie, pričom to znižuje šancu na odlišenie jednotlivých topológií, lebo veľké časti krajin stromov vykazujú plochú viero hodnosť. Dúfam, že sa mylim, ale vyzerá to tak podľa nulových dĺžok terminálnych vetví génových stromov. Identické sekvencie sa využívajú len v analýzach, ktoré modelujú aj veľkosť populácie, väčšinou v prostredí koalescenčných analýz.

Ďalšie moje pripomienky sú v porovnaní s vyššie uvedenými len kozmetické a uvádzam ich v poradí, v akom sa vyskytujú v texte.

Názvy génov sú písané nekonzistentne. Pre netopiere nie je názvoslovie ustálené, ale malo by sa dodržiavať minimálne v rámci jednej práce, v tomto prípade buď veľkými alebo malými písmenami, nie podľa lokalizácie génov.

Str. 11 - Množstvo ekologických ník nie je jediným dôvodom pre vysokú diverzitu v trópoch.

Str. 21 a ďalej - Názvy tabuľiek sa píšu nad tabuľkou, pod tabuľkou sú poznámky.

Str. 30 - Ako autorka určila dĺžku vetví v počte substitúcií na aminokyselinu, keď používala GTR model pre nukleotidovú sekvenciu a navyše analyzovala tRNA a rRNA gény?

Str. 33 - Nenašla som avizované výsledky morfológických meraní, ktoré vylučujú druh *Rhinolophus guineensis*.

Str. 79, obr. 2 - Nie sú chromozómy 17 a 18 vymené?

Napr. str. 13, 90 - Nekompletný zoznam literatúry.

Str. 93 - Nakoľko je Q-INS-i metóda schopná pracovať so sekvenciou, ktorá obsahuje dva rRNA lokusy, z toho jeden veľmi krátky, a tRNA gén?

Str. 94 - Na základe akých informácií bola zvolená schéma partícií? Ako zmena schémy partícií ovplyvnila výsledky? Prečo neboli partície použité pre Bayesiánsku analýzu?

Str. 109 - Prečo by mali byť údaje v práci Roehrs et al. (2011) spoľahlivejšie len kvôli dlhšej sekvencii? Aký vplyv na spoľahlivosť výsledkov majú chýbajúce dátá v multilokusových analýzach, identické sekvencie pravdepodobne použité v tejto práci, alebo robustnosť použitých metód na alignovanie daných datasetov?

Prečo sa tabuľky 3S až 5S nazývajú genetické vzdialenosťi, keď uvádzajú percento zhodných pozícii v párových porovnaniach alignmentu?

Napriek výhradám, ktoré sa týkajú spracovania, práca obsahuje významné pôvodné výsledky s potenciálom ovplyvniť naše vnímanie druhovej diverzity netopierov v Západnej Afrike a procesov, ktoré k nej viedli. Dizertačnú prácu doporučujem k obhajobe.

V Studenci, 21. 5. 2013

Mgr. Natália Martínková, Ph.D.

Natália Martínek