

### **A) Koevoluce morfologických struktur u netopýrů a muchulí**

Koevoluce systému hostitel-parazit je zkoumána u celé řady modelových dvojic organismů (například Brown & Brown, 1992; Fain, 1994; Reed et al., 2000; Müller et al., 2005). Tato interakce může současně probíhat na několika různých hostitelských úrovních. Specifičnost parazita je tedy závislá na fylogenetických, fyziologických, biochemických, etologických, behaviorálních nebo/a morfologických faktorech (Ryšavý et al., 1988; Volf & Horák, 2007). Netopýři a jejich stálí ektoparazité - muchule (Nycteribiidae) jsou výbornými modelovými organismy na zkoumání vzájemných morfologických přizpůsobení díky jejich dlouhé a výhradní koevoluci.

Charakteristika chlupů netopýrů, které prakticky tvoří výhradní životní prostředí muchulí, proto hraje klíčovou roli v přežívání parazita z hlediska pohybu a přístupu k potravě. Proto se zdá pravděpodobné, že vznik vyladěných morfologických struktur na těle parazita bude pod silným selekčním tlakem v souladu s morfologií hostitelské srsti. Student by proto měl navázat a rozšířit výstupy předchozích diplomových prací koadaptačním směrem. Předně by měl doplnit datový materiál proměřením chybějících vzorků srsti a některých druhů muchulí a statisticky oba soubory vyhodnotit a pokusit se vybrat struktury pod možným selekčním tlakem.

**Určeno: lépe jako DP, ale v případě zájmu možná i BP**

**Kontaktujte: Doc. Tomáše Bartoničku**

### **B) Migrační chování netopýrů na vybraných územích v ČR**

K vzorkování letové aktivity budou použity automatické sestavy Song Meter SM2Bat (Wildlife Acoustics, USA) spojující možnosti standardního bat detektoru a velkokapacitního nahrávacího zařízení. Získané nahrávky budou určeny do druhu či přiřazeny do skupin podle možností (pomocí software SonoChiro) a podrobeny standardnímu statistickému zpracování dle zvyklostí.

**Určeno: jako BP pro odborníky i učitele**

**Kontaktujte: Doc. Tomáše Bartoničku**

### **C) Nepopsané druhy komplexu *Praomys daltoni* (Rodentia, Murinae) a genetická struktura populací v místech jejich kontaktu**

Pokroky v evoluční a molekulární biologii odhalily pozoruhodnou rozmanitost procesů podílejících se na vzniku nových druhů (specií). Rekonstrukce konkrétních speciálních událostí je usnadněna znalostí genetické struktury populací v místech kontaktu nedávno či neúplně odštěpených druhů. Západoafrický hlodavec *Praomys daltoni* (Murinae, Praomyini) byli na základě mitochondriální DNA nedávno popsáni jako komplex blízce příbuzných evolučních linií, které jsou přinejmenším v jednom případě reprodukčně izolované a představují tak samostatné druhy (Bryja et al. 2010, Molecular Ecology). Cílem diplomové práce bude analýza genetické struktury na nukleárních markerech (mikrosatelity, sekvence nukleárních genů) u populací z kontaktních zón mezi těmito liniemi (Ghana, Mali). Bude tak možné prokázat zda a mezi kterými liniemi dochází k hybridizaci a odhadnout kdy a kde k jejich rozrušení došlo.

Student bude pracovat v molekulárně-biologické laboratoři, kde bude genotypovat mikrosatelity a sekvenovat části jaderných genů z tkání myši získaných z různých zdrojů (muzea, zahraniční vědecké instituce). Dále takto získaná genetická data vyhodnotí příslušnými statistickými metodami a výsledky podrobí kritickému zhodnocení v kontextu současných znalostí.

**Určeno: jako DP pro odborníky**

**Kontaktujte: Dr. Adama Konečného**

#### **D) Letouni Konga**

Přestože savci jsou taxonomicky jednou z nejlépe prozkoumaných skupin živočichů, v posledním desetiletí došlo k výraznému nárůstu popisů nových druhů. Tento trend je připisován jak vzestupu používání genetických metod v zoologii, tak zvyšující se prozkoumanosti odlehlých míst planety. Tropické lesy středoafričké republiky Kongo jsou jedním z takových míst, kde lze stále popisovat nové druhy drobných savců (letounů, hmyzožravců, hlodavců). Úkolem studenta bude vypracovat literární rešerši o fauně letounů konžské pánve a analyzovat dostupné sekvence mitochondriálního genu pro cytochrom b z pěti lokalit v jihozápadním Kongu (práce se softwarem pro zpracování sekvencí, jejich alignment, porovnání se sekvencemi ve veřejných databázích, základní analýza fylogenetických vztahů). Cílem tak bude genetická identifikace druhů a evolučních linií letounů ze zmíněných lokalit v kontextu současných znalostí o druhovém složení fauny letounů v pralesích střední Afriky. **Určeno: jako BP pro odborníky či učitele**

*Kontaktujte: Dr. Adama Konečného*

#### **E) Dynamika šíření myšice temnopásé na jižní Moravě**

Výzkum evolučních a ekologických procesů, které se odehrávají na okrajích areálů rozšíření patří mezi základní biologické problematiky s důsledky jak teoretickými (příčiny kolísání hranice okraje areálu, interakce s evolučně blízkými druhy až po vznik hybridních zón), tak i praktickými (invazivnost okrajových populací, ochrana vzácných populací a habitatů). V současné době se i v České republice setkáváme s fenoménem šíření savce, který je u nás na okraji svého rozsáhlého euroasijského areálu: myšice temnopásá (*Apodemus agrarius*) se od severovýchodu republiky šíří na jižní Moravu. Prvním krokem pro možnost studovat evolučně-ekologické souvislosti a důsledky posunu areálu rozšíření je spolehlivý časoprostorový popis dynamiky recentního šíření tohoto hlodavce. Úkolem studenta bude kompilovat dosavadní literární doklady přítomnosti myšice temnopásé na našem území formou literární rešerše. Těžiště praktického výzkumu pak bude v terénních odchycích hlodavců za účelem zmapování současné hranice rozšíření a populační dynamiky myšice temnopásé v okolí Brna.

**Určeno: možné jako BP i DP pro odborníky či učitele**

*Kontaktujte: Dr. Adama Konečného*

#### **F) Fylogenetické vztahy a genetická diverzita vybraných drobných zemních savců Evropy**

Navzdory ekonomické, medicínské a ekologické významnosti hlodavců a rejskovitých hmyzožravců je podrobná vnitrodruhová (leckdy i mezidruhová) diverzita těchto savců nedostatečně prozkoumána, což může vnášet komplikace do ochrannářského managementu i akcím proti škůdcům. Genetické analýzy mitochondriálních či jaderných lokusů pomáhají odhalit skrytou diverzitu fylogenetických linií u mnoha skupin, a to i u taxonů s rozsáhlým spojitým areálem rozšíření a zdánlivou homogenitou fenotypu. Cílem práce bude u vybraných hlodavců a hmyzožravců provést rekonstrukci fylogeneze a popsat genetickou variabilitu za využití molekulárních dat ze vzorků z terénu či přístupných v databázích.

**Určeno:** jako BP pro odborníky či učitele

**Kontaktujte:** Dr. Adama Konečného

### **G) Vliv prostředí a klimatických podmínek na rozšíření genealogických linií hlodavců východoafrické savany**

V předchozích projektech založených na fylogeografické analýze východoafrických hlodavců jsme zjistili výrazně konzistentní geografický vzor rozšíření jednotlivých genetických linií v minimálně šesti rodech hlodavců otevřené krajiny. Hranice rozšíření těchto skupin přitom není limitována nějakou zcela zřejmou geografickou bariérou, což je nejvíce viditelné v savanových oblastech v Tanzánii. Jednou z možných příčin tohoto parapatrického rozšíření mohou být rozdílné ekologické podmínky prostředí a na ně navázané lokální adaptace genetických linií hlodavců.

Cílem práce bude geneticky analyzovat nový materiál z Tanzánie, a zejména využít přístupy modelování ekologických nik ("ecological niche modelling" či "species distribution modelling") k pochopení faktorů, které utvářely současnou výraznou fylogeografickou strukturu a vznik konkordantních kontaktních zón.

**Určeno:** lépe jako DP, ale v případě zájmu možná i BP

**Kontaktujte:** Doc. Josefa Bryju

### **H) Detailní genetická charakterizace kontaktních zón vybraných hlodavců v Tanzánii**

Evoluční procesy v savanových oblastech Afriky jsou dosud velmi málo prozkoumány (zejména v porovnání s tropickým lesem), a to i přestože se jedná o klíčové prostředí pro evoluci člověka. V savanách východní Afriky jsme nedávno objevili výrazný fylogeografický vzor rozšíření genealogických linií minimálně u šesti rodů hlodavců - konkrétně se jedná o výrazné parapatrické rozšíření a přítomnost kontaktních zón v oblastech bez zjevné geografické bariéry toku genů. Zajímavé je, že i když geograficky se kontaktní zóny překrývají, tak ne všechny genetické páry se oddělily před stejně dlouhou dobou.

Cílem práce bude využít multilokusový genetický přístup k charakterizaci povahy těchto kontaktních zón. Teoreticky existují tři možnosti (1. kompletní reprodukční izolace, tj. přítomnost dvou druhů; 2. hybridní zóna s negativní selekcí hybridů; 3. relativně recentní kontakt diferencovaných populací bez jakéhokoliv negativní selekce hybridů) a cílem práce bude zjistit, která z nich se u kterých taxonů vyskytuje. V dalším kroku pak bude testováno jaký vliv má odhadované stáří divergence linií na povahu kontaktní zóny.

**Určeno:** lépe jako DP, ale v případě zájmu možná i BP

**Kontaktujte:** Doc. Josefa Bryju

### **I) Paraziti rodu *Pneumocystis* u afrických hlodavců**

*Pneumocystis* je rod jednobuněčných parazitických hub. Několik známých druhů napadá různé druhy savců a způsobuje u nich plicní onemocnění, pneumocystózu. Předchozí výzkumy v hybridní zóně domácích myší prokázaly, že jednotlivé linie *Pneumocystis* jsou striktně vázány k jednotlivým vnitrodruhovým liniím svých hlodavčích hostitelů. Naše pilotní testy zároveň prokázaly přítomnost těchto parazitů u širokého spektra afrických hlodavců.

Cílem práce bude geneticky charakterizovat zástupce rodu *Pneumocystis* u hlodavců východoafrické savany a zejména detailně studovat asociaci jejich genetických variant s fylogeografickou strukturou jejich hlodavčích hostitelů. Obzvláště zajímavá situace se pak nachází v oblasti kontaktních zón, kde může docházet k rekombinacím geneticky diferencovaných variant. Alternativně mohou kontaktní zóny sloužit jako významná bariéra

šíření jednotlivých parazitárních linií (obdobně jako bylo zjištěno v hybridní zóně domácích myší).

**Určeno:** lépe jako DP, ale v případě zájmu možná i BP

**Kontaktujte:** *Doc. Josefa Bryju*

#### **J) Rekonstrukce fylogeneze a taxonomické revize vybraných afrických drobných savců**

Recentní výzkum našeho týmu vedl v posledních několika letech k vytvoření unikátní sbírky hlodavců z východní Afriky. Genetické analýzy prokázaly výraznou kryptickou biodiverzitu u mnoha skupin, která se však dosud neodrazila ve vyřešení taxonomických problémů. Cílem práce bude u vybraných rodů hlodavců a hmyzožravců provést rekonstrukci fylogeneze a taxonomickou revizi. K tomu budou využity přístupy integrativní taxonomie, tj. kombinace molekulárních, morfologických a evolučních metod.

**Určeno:** lépe jako DP, ale v případě zájmu možná i BP

**Kontaktujte:** *Doc. Josefa Bryju*

#### **L) Obojživelníci střední Afriky – využití DNA barcodingu ke zjištění druhové diverzity**

Přístup tzv. „DNA barcodingu“ (barkódování/DNA čarové kódy) je poměrně jednoduchý a praktický nástroj k základnímu odhalování druhové diverzity a identity málo známých taxonů či těžce určitelných ontogenetických stadií. Nástroj je užitečný zejména v oblastech s vysokou biodiverzitou, jako jsou tropy. Poznání diverzity obojživelníků střední Afriky je doposud velmi nedostatečné a právě DNA barcoding nám může přinést nové informace o druhové diverzitě jednotlivých oblastí, jakožto první krok, který můžeme učinit. Student bude využívat jak tradiční marker pro barkódování obojživelníků *16S rRNA*, který je hojně dostupný v databázi GenBank, tak bude pracovat se standardním markerem pro DNA barkódování živočichů (*COI*) a podílet se tak na tvorbě nové srovnávací databáze standardního DNA barkódu. Sekvence DNA budou analyzovány za využití standardních fylogenetických (a fylogeografických) přístupů. V kombinaci s morfologickým vyšetřením dokladových exemplářů bude zhodnocena diverzita a taxonomie jednotlivých skupin obojživelníků v biogeografickém kontextu jednotlivých geografických oblastí jako jsou Kamerunské hory, pánev řeky Ogooué (Gabon) či Konžská pánev.

Laboratorní práce bude prováděna v laboratořích ÚBO AV ČR, v.v.i., pracoviště Studenec.

**Určeno:** lépe jako DP, ale v případě zájmu možná i BP (pro 2–3 studenty)

**Kontaktujte:** *Dr. Václava Gvoždíka (ÚBO AV ČR) – vaclav.gvozdik@ivb.cz*

#### **M) Environmentální niky obojživelníků tropických lesů Afriky**

Tropické lesní ekosystémy jsou globálně považovány za jedny z druhově nejbohatších. Málo se toho ovšem ví o diferenciaci environmentálních nik blízké příbuzných druhů. Na modelu vybraných afrických obojživelníků bude testováno, zda se environmentální niky (zejména klimatické) liší mezi sesterskými druhy. Zejména u horských druhů endemických pro jednotlivé horské masivy je pro pochopení procesů zodpovědných za vznik a udržování reprodukčně-izolačních bariér zásadní rozlišit dva různé fenomény. A sice zda jsou speciální události výsledkem zachování shodných nik (konzervativnost nik) a tedy geografická izolace populací v odlišných horských masivech po vymizení podmínek vhodných pro šíření, anebo zda jsou zapříčiněny divergencí nik, tj. adaptací na odlišné ekologické podmínky (např. odlišné nadmořské výšky). Student bude využívat GIS aplikace jako modelování a statistické srovnání environmentálních nik ke kvantifikaci odlišností/podobností nik vybraných druhů afrických obojživelníků, zejména z Kamerunských hor.

**Určeno:** lépe jako DP, ale v případě zájmu možná i BP

**Kontaktujte:** *Dr. Václava Gvoždíka (ÚBO AV ČR) – vaclav.gvozdik@ivb.cz*

## **N) Endemiti Konžské pánve? Revize taxonů obojživelníků a plazů popsaných z Konga**

Rigorózní zhodnocení taxonomické diverzity je vždy odvislé od aktuálních znalostí popsaných nominálních taxonů. Bohužel je běžná praxe, zejména u tropických taxonů, že o řadě popsaných taxonů existuje jen minimum informací, často omezených jen na původní práce popisu druhů a typový materiál. Poznání biodiverzity Konžské pánve je doposud jen fragmentární, zejména kvůli socio-politické nestabilitě v regionu v posledních desetiletích. To platí obzvláště o území současné Demokratické republiky Kongo, které vyplňuje většinu Konžské pánve. Na druhou stranu z tohoto území pochází velké množství popisů taxonů obojživelníků a plazů staršího data, o jejichž biologii, rozšíření a mnohdy i morfologii toho víme velice mále. Mnohdy není ani jisté, zda dané taxony skutečně představují platné druhy. Nicméně existence těchto nominálních taxonů a získání detailnějších informací o nich je zcela zásadní pro taxonomické revize středoafričské fauny. Úkolem studenta bude připravit literární rešerši sumarizující veškeré dostupné informace o takovýchto téměř neznámých taxonech obojživelníků a plazů popsaných zejména R. F. Laurentem či G. F. De Wittem v minulém století. Předpokládá se krátký studijní pobyt zaměřený na studium typového materiálu v *Musée royal de l'Afrique central* v Tervurenu v Belgii. Znalost francouzštiny výhodou.

**Určeno:** jako BP pro odborníky či učitele

**Kontaktujte:** Dr. Václava Gvoždíka (ÚBO AV ČR) – [vaclav.gvozdik@ivb.cz](mailto:vaclav.gvozdik@ivb.cz)

## **P) Diverzita a morfologie pulců vybraných skupin afrických žab**

Pulci představují larvální, zpravidla volně žijící, stadia bezocasých obojživelníků (Anura). Morfologická diverzita je navzdory omezeným možnostem tělního plánu pulců poměrně značná. Přesto v souvislosti s nedostatečným poznáním druhové diverzity i ekologie afrických obojživelníků, zůstává základní poznání morfologie pulců stále nedostatečné. Odrazovým můstkem je recentní kniha *Tadpoles of Africa* (2012) sumarizující veškeré informace k biologii a identifikaci pulců subsaharské Afriky. Úkolem studenta bude doplnit střípky do této mozaiky poznání morfologickým popisem pulců několika druhů afrických žab.

**Určeno:** jako BP pro odborníky či učitele

**Kontaktujte:** Dr. Václava Gvoždíka (ÚBO AV ČR) – [vaclav.gvozdik@ivb.cz](mailto:vaclav.gvozdik@ivb.cz)

## **Bakářské práce z biologie (pro studenty v oboru Biologie se zaměřením na vzdělávání)**

### **1. Netopýři Kroměřížska (Bats of the Kroměříž region)**

Literární rešerše o fauně netopýřů na Kroměřížsku, srovnání dostupných faunistických dat z terénních výzkumů získaných v rozmezí 30 let (Chytil, Moštěk, Řehák), zpracování terénních protokolů a mg. nahrávek, vyhodnocení výsledků nejen ve vztahu k časovým obdobím výzkumu, ale i s ohledem na habitaty, kde výzkum probíhal.

**Vedoucí:** Doc. RNDr. Zdeněk Řehák, Ph.D., [rehak@sci.muni.cz](mailto:rehak@sci.muni.cz), konzultant: RNDr. Josef Chytil

### **2. Aktivita netopýřů v lužním lese (Activity of bats in a floodplain forest).**

Literární rešerše - stav poznání, metody výzkumu a hodnocení, mokřadní habitaty využívané netopýři jako úkryty nebo loviště.

**Vedoucí:** Doc. RNDr. Zdeněk Řehák, Ph.D., [rehak@sci.muni.cz](mailto:rehak@sci.muni.cz).

### 3. Metody ultrazvukové detekce při studiu aktivity netopýrů (Methods of ultrasound detection in studies of bat activity)

Srovnání základních metod ultrazvukové detekce netopýrů: liniové transektory versus bodová metoda - výhody a nevýhody, využití, hodnocení výsledků. Pilotní terénní výzkum.

Vedoucí: Doc. RNDr. Zdeněk Řehák, Ph.D., [rehak@sci.muni.cz](mailto:rehak@sci.muni.cz).

### 4. Letová aktivita netopýrů v různých regionech ČR pomocí detektorů ultrazvuku (Flight activity of bats at different regions in Czech Republic revealed by bat detectors)

V rámci plošného detektoringu realizovaného Českou společností pro ochranu netopýrů a Agenturou ochrany přírody a krajiny ČR je pravidelně sledováno 10 územních celků, které byly vybrány na základě vysoké druhové diverzity a zachovalosti biotopů. Konkrétně se jedná o území CHKO Český kras, CHKO Český ráj, CHKO Broumovsko, CHKO Třeboňsko, NP Šumava, CHKO Litovelské Pomoraví, CHKO Poodří, CHKO Moravský kras, BR UNESCO Dolní Morava a NP Podyjí. Získaná data tak zásadně přispívají k řešení problematiky dlouhodobých změn rozšíření a početnosti jednotlivých druhů netopýrů na území ČR, včetně objasnění příčin těchto změn. Plošný monitoring pomocí detektorů byl realizován pomocí standardní metodiky (AOPK ČR a ČESON, [www.biomonitoring.cz](http://www.biomonitoring.cz)). Student dostane k dispozici kompletní databáze z let 2005-2015 obsahující původní data z terénních transektů – úrovně lovecké a přeletové aktivity, druhové spektrum a biotopové charakteristiky. Jeho úkolem bude vypracovat úvod do problematiky detektoringu a využívání biotopů netopýry, zpracovat databáze do přehledných tabulek k jednotlivým lokalitám, vzájemně srovnat úroveň letové aktivity i porovnat druhovou diverzitu mezi jednotlivými částmi monitorovaných sezón a mezi územními celky navzájem. V neposlední řadě by měl student v rámci své bakalářské práce:

- Shrnout druhovou diverzitu společenstva netopýrů v každém územním celku
- Charakterizovat úroveň letové aktivity mezi jednotlivými částmi sezóny (gravidita, laktace, postlaktace)
- Vyhodnotit změny letové aktivity mezi monitorovanými roky
- Vyhodnotit rozdíly ve využívání jednotlivých biotopů, srovnat s literárními údaji

*Kontaktujte: Doc. Tomáše Bartoničku ([bartonic@sci.muni.cz](mailto:bartonic@sci.muni.cz))*

## **Diplomové práce z biologie (pro studenty v oboru Učitelství biologie pro střední školy)**

### 1. Aktivita a druhové složení společenstva netopýrů v charakteristických habitatech v nivě řeky Moravy u Záhlinic na Kroměřížsku (Activity and species composition of the bat communities in typical habitats of Morava river floodplains near Záhlinice at Kroměříž region)

Práce bude navazovat na rešeršní Bc práci „Netopýři Kroměřížska“. Stávající data budou doplněna o recentní terénní výzkum s pomocí bat-detektorů a jiných metod ekologického monitoringu. Cílem bude posoudit habitatovou selekci ve využívání habitatů netopýry v dané lokalitě (luh, mokřadní louky, rybníky a jejich břehové porosty) a posoudit časové změny za posledních 30 let.

Vedoucí: Doc. RNDr. Zdeněk Řehák, Ph.D., [rehak@sci.muni.cz](mailto:rehak@sci.muni.cz), konzultant: RNDr. Josef Chytil

**2. Srovnání výsledků liniových transektů a bodové detekce při sledování aktivity netopýrů na vybraných lokalitách** (Comparison of results of line transects and point detection in the study of bat activity at selected localities)

Srovnat výsledky podobného výzkumu v minulosti v CHKO Poodří (Řehák, nepubl.) s vlastními výsledky získanými bat-detekcí. Předpokladem je úspěšné zvládnutí práce s bat – detektory.

Vedoucí: Doc. RNDr. Zdeněk Řehák, Ph.D., [rehak@sci.muni.cz](mailto:rehak@sci.muni.cz)

**3. Aktivita netopýrů a druhová struktura jejich společenstev v luhu Suchdolský les (CHKO Poodří)** (Activity of bats and species structure of their communities in the Suchdol floodplain forest -PLA Poodří).

Suchdolský les je čtvrtým dosud chiropterologicky neprobádaným luhem na levém břehu Odry. Práce předpokládá základní faunistický výzkum založený na bat-detektoringu. Student musí zvládnout práci s bat detektorem a základní způsoby digitalizace akustických nahrávek netopýřích hlasů a jejich analýzu speciálním software. Hlavním výsledkem by měl být přehled zjištěných druhů netopýrů a jejich distribuce v mikrohabitátech studovaného lesa.

Vedoucí: Doc. RNDr. Zdeněk Řehák, Ph.D., [rehak@sci.muni.cz](mailto:rehak@sci.muni.cz), Mgr. Martin Gajdošík, Ph.D.

**4. Rozdíly v diverzitě společenstev netopýrů v lužních lesích na levém břehu Odry (CHKO Poodří)** (Differences in diversity of bat communities in the left riverside of Odra river (PLA Poodří))

Srovnání dat získaných UTZ detekcí, příp. odchycem netopýrů do sítí ve 3 lužních lesích – Dolní Polanský les, Horní Polanský les (Blücherův) a luh Bažantula v CHKO Poodří, doplněný o výsledky vlastního sledování s bat-detektory. Tyto luhy se liší výškou hladiny podzemní vody v souvislosti s dřívějšími melioračními úpravami koryta Odry, jejímž důsledkem jsou i rozdíly ve složení bylinného patra. Tyto rozdíly se mohou promítnout v rozdílné potravní nabídce netopýrů (hmyz) a tím i v odlišné druhové struktuře netopýřích společenstev. K dispozici je řada dat z terénních protokolů a databází, prezentovaných částečně v podobě nepublikovaných studií (Řehák).

Vedoucí: Doc. RNDr. Zdeněk Řehák, Ph.D., [rehak@sci.muni.cz](mailto:rehak@sci.muni.cz), Mgr. Martin Gajdošík, Ph.D.

## **PhD topics/témata doktorských prací:**

**A) Speciation within the *Pipistrellus pipistrellus* species group: acoustic and olfactory approach**

High frequency of "cryptic" species were reported in nocturnal mammals such as bats, which rely to different perception clues than diurnal primates (Jones 1997). One of the first such examples studied in details was the case of the bat species widespread in western Palearctic, common pipistrelle *Pipistrellus pipistrellus*. Two sympatric cryptic species within this taxon were surprisingly discovered in Europe using analysis of echolocation calls and mtDNA (Barratt *et al.* 1997). Further lineages and radiation center of this complex were discovered later in the Mediterranean region by our team (Hulva *et al.*, 2004; 2010), indicating a peripatric mode of diversification of the complex. The recent view on this morphologically relatively unified group encompass two sibling species inhabiting most of the western Palearctic (common pipistrelle *P.pipistrellus* s.str. and soprano pipistrelle *P. pygmaeus* s.str.), and several (mostly allopatric) populations inhabiting peninsulas and islands of the Mediterranean basin. In bats, adaptive evolution related to echolocation is connected with evolution of foraging

strategies, trophic niche, spatial behavior and social systems, thus playing crucial role in speciation (Jones 1997).

1. **part** Advertisement calls of different males of *P.pipistrellus*, *P. pygmaeus*, *P. pygmaeus cyprius* and *P.hanaki* will be recorded at the sites of sedentary displays or songflights. Student will perform playback experiments close the swarming sites of all pipistrelle species. Advertisement calls and noise will be played back from separate loudspeakers. Student will record flight and vocal responses of bats at each experimental point using an infrared videocamera and an acoustic detector system. The essential structural components of social calls are composed of a series of similar pulses called 'notes' and their temporal and spectral parameters will be measured.
2. **part** Preliminary analyses of the secretion from facial glands using gas chromatography coupled with mass-spectrometric detection (GC-MS) indicated, that it is possible to distinguish between species *P.pipistrellus* s.str. and *P. pygmaeus* s.str. on the basis of quantitative and qualitative differences in chemical composition of volatiles contained in the secretion. These compounds could play of attractants in the mating behaviour and participate in reproductive isolation. Student will optimize the sampling and analytical methods in order to pinpoint and evaluate minor chemical differences in particular species during the season, between sexes and between individuals of different maturity status. Results of several replications for each category will be subjected to multivariate statistical evaluation, allowing discrimination between particular samples based on the overall chemical diversity of compounds.

## **B) Vliv vrozeného a naučeného chování na přelety netopýrů mezi letními a zimními stanovišti**

Effect of innate and learned behaviour on movements of the bats between summer and winter habitats

Doposud používaná ruční radiotelemetrie vyžadovala vysoké fyzické nasazení při permanentním sledování značeného jedince a výzkum byl tedy velmi personálně náročný. Nová technologie automatického telemetrovacího systému umožňuje pokrytí zájmové oblasti systémem stacionárních stanic, které provedou pravidelnou lokalizaci značeného jedince automaticky, fyzické dohledávání bude nutné pouze sporadicky s cílem získat další informace o typu úkrytu, loveckém stanovišti či stavu transponderu.

Modelovým druhem je netopýr velký. Sledováno bude období, kdy mláďata opouštějí úkryt letní kolonie a vydávají se přes přechodné úkryty na zimoviště. Délka sezónních přeletů se pohybuje mezi 50 až 200 km. Proto se jeví monitoring migračních tras jako reprezentativní a automatickým systémem zvládnutelný. Adultní samice záhy po odstavu mláďat letní úkryt opouštějí a ty zde zůstávají do podzimních měsíců. Následně se přesouvají, patrně samostatně na zimoviště. Jakou roli v tomto kritickém období pro přežívání tohoto ročníků mláďat hraje sociální učení a jakým způsobem se vlastně mláďata v krajině pohybují (náhodně nebo jejich přesuny mají jasný směr) by automatický systém mohl odhalit. Studie by současně mohla precizovat významné migrační koridory.

V postlaktančním období bude označeno 50 mláďat z různých. Z dlouholetých kroužkovacích projektů víme, že někteří jedinci z těchto kolonií létají zimovat do jižní a střední části Moravského krasu. Proto budou monitorovány potenciální migrační trasy a blízkost masových zimovišť vhodným rozestavením stanic. Mláďata budou označována postupně od září do poloviny listopadu s ohledem na životnost transponderů, tak aby současně bylo nejméně 10 funkčních transponderů na netopýrech.

## **C) Význam netopýrů v biologické ochraně před škůdci**

The importance of bats in biological pest control



Cílem práce bude kvantifikovat význam vybraných druhů netopýrů při regulaci vybraných škůdců lesních porostů. Studováno bude potravní složení a potravní nabídka na kalamitních lokalitách a na lokalitách bez významného vlivu škůdce. Použity budou standardní i molekulárně genetické metody analýzy trusu netopýrů. Současně bude sledována i letová aktivita netopýrů.

Pozornost bude zaměřena na píďalky (p. zhoubná a zimní), jejichž housenky lokálně poškozují žírem ovocné stromy a ve volné krajině především duby. Gradace nastává v průběhu dubna, kdy housenky významně prosvětlují koruny. K líhnutí z kukel dochází na přelomu září a října. Do těchto dvou období budou situovány i odchyty motýlů a monitoring housenek za účelem stanovení jejich densit. Samci motýlů budou odchyťováni na UV světlo a nelétavé samice vzorkovány pomocí lepivých pásů na kmenech. V průběhu sezóny bude na modelových plochách sledována i letová aktivita netopýrů rodu *Plecotus* a *Barbastella* pomocí bat-detektorů. Současně budou netopýři odchyťováni za účelem získání trusu. Bude testována hypotéza, že netopýři na lokalitách s gradací oportunisticky využívají nejdostupnější potravu a tedy škůdce preferují před ostatními taxony. Vždy budou porovnávány plochy významně škůdcem ovlivněné a plochy bez jeho masového výskytu. Přítomnost lokálních taxonů v trusu bude zjišťována detekcí specifické DNA pomocí PCR (je znám genom *O. brumata* Derks et al.2015). Počet jedinců v trusu bude odhadován experimentálně (počet očí u imág, mandibul u housenek).

**If you are interested, please contact Tomas Bartonicka ([bartonic@sci.muni.cz](mailto:bartonic@sci.muni.cz))**

**V případě zájmu o témata kontaktujte Tomáše Bartoničku ([bartonic@sci.muni.cz](mailto:bartonic@sci.muni.cz))**

#### **D) Phenotypic correlates of mtDNA evolution. Fenotypové koreláty evoluce mtDNA**

Do two house mouse subspecies, *Mus musculus musculus* (Mmm) and *M. m. domesticus* (Mmd), vary in their thermoneutral zones and basal metabolic rates? Do inbred strains adapt to laboratory conditions and differ from wild mice? Do thermoneutral zones and basal metabolic rates differ between northern and southern populations? Is there a south-north gradient in numbers of mitochondria? Can thermal physiology explain different introgression of mtDNA observed in different parts of the house mouse hybrid zone?

Objective. Mitochondrial DNA (mtDNA) is a long circular molecule (>16 kb) that harbours more than 30 genes coding for transfer RNA, ribosomal RNA and proteins involved in producing cell energy through oxidative phosphorylation. The subject of the study is to ask whether differences in the mouse OXPHOS genes (recently documented within another – NGS – project) are reflected by phenotypic correlates associated with the pattern of mtDNA introgression.

Both house mouse subspecies (Mmm and Mmm) have recently colonized Europe and in the area of their secondary contact, they have formed a hybrid zone over 2500 km long, stretching from Norway to the Black Sea. All possible combinations of mtDNA introgression have been documented in the hybrid zone: (1) Mmd -> Mmm direction of mtDNA in eastern Holstein and Scandinavia, north German/Polish border and southern Bavaria, (2) Mmd -> Mmm direction at the Czech-Bavarian border and in Bulgaria, and (3) only limited gene flow of mtDNAs in Denmark. This stunning variation of mtDNA introgression is hardly observed in any other animal or plant system. The possibility of ecologically adaptive changes in Mmd and Mmm has not yet been addressed.

Methods. Using in-home technology situated in Research Facility Studenec the student will perform experiments testing the aims outlined above. The facility also keep >20 wild-derived inbred strains (WDS), that will be used for comparison with their wild counterparts.

To control for measurement error and to match the capacity of measuring devices we will study always minimum of 4 mice per trial. This number will be used for WDS, and doubled for wild mice. To control for effects of age, the first generation of mice (G1) derived in captivity will be used for phenotype measures (centred around 100 days of age). Four Mmm and 4 Mmd will be measured to detect inter-subspecific differences within WDS. The same measures will be used for comparison with measures obtained from wild G1 animals: Mice from local mt-introgressed regions will be sampled and scored for their mtDNA type and groups of  $Mmm.mtDNA^{Mmd}$  vs  $Mmm.mtDNA^{Mmm}$  and  $Mmd.mtDNA^{Mmd}$  vs  $Mmd.mtDNA^{Mmm}$  will be tested against each other. To extend our measures along the south-north gradient phenotyping will be complemented by scoring G1 Mmm and Mmd mice from southern regions (Mmd: Spain or Italy, Mmm: Bulgaria).

Basal metabolic rates will be measured indirectly using a four-channel flow-through respirometer. Each trial will last five hours. Since motoric activity greatly biases respirometry measurements, each chamber will be monitored continuously using a digital motion-detection system. To determine a mouse's thermoneutral zone, four-channel respirometry will again be applied. Mouse body temperatures will be measured during respirometry trials using implanted thermally sensitive microchips.

To quantify the copy numbers of mtDNA in spleen and muscles (i.e., in organs associated with heat production) we will employ quantitative PCR of the D-loop region. .

Output. Completing this task, the student will test for first time if subspecific physiological differentiation is involved in adaptive processes. Relating the outputs of his/her work to results from other tasks within the Project we hope to obtain data to test whether bidirectionality of mtDNA introgression is the results of adaptive processes or is a random process.

**Supervisor: Prof. RNDr. Miloš Macholán, CSc.**

**Co-supervisor: Mgr. Lumír Gvoždík, PhD.**

**Financial support for research: Project GAČR:** Phylogeography, selection and mutation rate at the whole-genome level: Inference from mtDNA sequences of the house mouse (2016-2018). (macholan@iach.cz)

**Financial support for student: he/she will be employed by and paid from the Project**

**If you are interested, please contact Miloš Macholán**

**V případě zájmu o témata kontaktujte Miloše Macholána (macholan@iach.cz)**