

Univerzita Karlova v Praze
Přírodovědecká fakulta
Katedra zoologie
Zoologie - entomologie



**Tribus Microdontomerini (Hymenoptera:
Chalcidoidea: Torymidae) - fylogeneze a evoluce**

**Tribe Microdontomerini (Hymenoptera: Chalcidoidea:
Torymidae) - phylogeny and evolution**

Bc. Petr Stiblík

Diplomová práce
Školitel: Mgr. Petr Janšta, Ph.D.

Praha, 2014

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem závěrečnou práci zpracoval samostatně a že jsem uvedl všechny použité informační zdroje a literaturu. Tato práce ani její podstatná část nebyla předložena k získání jiného nebo stejného akademického titulu.

V Praze dne 13.8.2014

.....
Bc. Petr Stiblík

Poděkování

Mé poděkování patří rodině, všem přátelům a kamarádům, jakožto i vyučujícím a mentorům, kteří se přinejmenším malou měrou podíleli, ať již přímo či nepřímo, na dokončení této práce.

Rodina mi byla oporou psychickou i materiální po celou dobu mého studia. Maminka vždy přispěla dobrou radou či gramatickou opravou a tatínek klidem. Moje sestra, ač v dalekých končinách, vždy dokázala povzbudit. Prarodiče pro mě vždy měli nějaký ten bioprodukt na přilepšenou a i díky nim jsem nikdy nestrádal.

Poděkování patří i mé milované Zuzance, která mnohokrát prokázala velikou trpělivost s mým temperamentem či vrtochy a vždy mi byla oporou.

Za dobré rady a pomoc při laboratorní práci patří můj vděk také Mgr. Petrovi Táborskému, který mi poskytl nejen know-how, ale často také laboratorní materiál, někdy nevědomky.

Za dobré rady a konzultaci bych také rád poděkoval všem, kdo se nachomýtl při kompozici této diplomové práce, zvláště však Mgr. Janě Habermannové.

Nemohu také zapomenout na osazenstvo studentského klubu Mrtvá ryba, protože i zde jsem často čerpal inspiraci při studiu a vědecké práci.

Nakonec bych chtěl poděkovat osobě, bez které by tato práce vůbec nemohla vzniknout. Mgr. Petr Janšta, Ph.D. věnoval mému školení mnoho času, poskytl mi naprostou většinu potřebného materiálu a také při komponování závěrečné práce vkládal značné úsilí do korektur a dobře míněných rad. Naučil mě během mého studia mnohému a já doufám, že se mu budu moci v budoucnu ekvivalentně odvděčit.

OBSAH

Abstrakt	6
Abstract	7
1. Úvod	8
2. Literární přehled	10
2.1. Přehled tribů podčeledi Toryminae (Hymenoptera: Torymidae)	10
2.2. Tribus Chalcimerini	10
2.3. Tribus Monodontomerini	11
2.4. Tribus Palachiini	12
2.5. Tribus Podagrionini	13
2.6. Tribus Torymini	14
2.7. Tribus Torymoidini	15
2.8. Tribus Microdontomerini	16
2.8.1. <i>Adontomerus</i>	17
2.8.2. <i>Ditropinotus</i>	17
2.8.3. <i>Eridontomerus</i>	17
2.8.4. <i>Erimerus</i>	18
2.8.5. <i>Idiomacromerus</i>	18
2.8.6. <i>Idarnotorymus</i>	19
2.8.7. <i>Microdontomerus</i>	20
2.8.8. <i>Pseuderimerus</i>	21
2.9. Rody podčeledi Toryminae <i>incertae sedis</i>	21
2.9.1. <i>Cryptopristus</i>	22
2.9.2. <i>Echthrodape</i>	22
2.9.3. <i>Exopristus</i>	22
2.9.4. <i>Glyphomerus</i>	23
2.9.5. <i>Stenotorymus</i>	23
2.9.6. <i>Thaumatorymus</i>	23
2.9.7. <i>Zaglyptonotus</i>	24
2.10. Fylogeneze Toryminae v čase	24
3. Cíle práce	31
4. Materiál a metodika	32
4.1. Materiál	32
4.2. Izolace	32
4.3. PCR a získávání vybraných genových úseků	32
4.4. Použité primery	33
4.5. Nastavení termocyklu pro použité kombinace primerů	34
4.5.1. Nastavení termocyklu pro amplifikaci 18S rDNA	34
4.5.2. Nastavení termocyklu pro amplifikaci 28S rDNA	34
4.5.3. Nastavení termocyklu pro amplifikaci EF1 α	34
4.5.4. Nastavení termocyklu pro amplifikaci Cytochrom oxidázy I	35
4.5.5. Nastavení termocyklu pro amplifikaci Cytochromu B	35
4.5.6. Nastavení termocyklu pro amplifikaci Wingless	36
4.6. Elektroforéza amplifikovaných úseků	36
4.7. Purifikace PCR produktu	36
4.8. Purifikace PCR produktu z gelu	36
4.9. Příprava sekvenční reakce	37
4.10. Zpracovávání chromatogramů a tvorba alignmentů	37

4.11. Tvorba fylogenetických stromů pomocí RAxML	38
4.12. Substituční modely pro pozice v genomovém alignementu	38
4.13. Tvorba fylogenetických stromů pomocí algoritmu MrBayes	39
4.14. Vytvoření výsledného fylogenetického stromu	39
4.15. Fotografická dokumentace morfologických znaků	40
4.16. Deskripce morfologických a biologických znaků	40
4.17. Analýza mapování distribuce morfologických znaků	43
4.18. Další software	44
5. Výsledky	45
5.1. Výsledky molekulární analýzy	45
5.2. Výsledky analýzy mapování distribuce morfologických znaků	50
6. Diskuze	68
7. Závěr	80
8. Seznam literatury	82
10. Tištěné přílohy diplomové práce	89
10.1. Morfologické znaky	89
10.2. Orientační mapa genomových úseků	101
10.3. Přímé výstupy finálních molekulárních analýz	102
10.4. Matice morfologických znaků	107
10.5. Tabulka vzorků použitých v analýzách	110

Abstrakt

Nadčeleď chalcidky (Chalcidoidea) je druhově nejbohatší skupinou řádu blanokřídlého hmyzu (Hymenoptera) a v současnosti zahrnuje celkem 22 čeledí. Jednou z čeledí je také čeleď krásenkovitých (Torymidae), jejíž monofyletičnost je v současnosti intenzivně diskutována.

Tato diplomová práce se zaměřuje na tribus Microdontomerini (Torymidae: Toryminae). Druhy tohoto tribu jsou většinou drobné a nenápadné (délka těla 2 až 4 milimetry). Současný pokrok ve fylogenezi chalcidek umožňuje vytvořit robustní fylogenetickou hypotézu tribu Microdontomerini jako součást výzkumu fylogeneze a klasifikace chalcidek.

Můj přístup kombinuje molekulární a morfologické metody tak, aby byl výsledný fylogram co nejspolehlivější. Pro analýzu distribuce morfologických znaků bylo vybráno 33 zástupců reprezentujících všechny rody tribu Microdontomerini a 10 vnějších taxonů. Pomocí skenovacího elektronového mikroskopu Hitachi S-3700N-VP jsem u těchto vybraných taxonů zkoumal 33 morfologických znaků. Pro 117 taxonů byla získána sekvenční data z 5 jaderných (18S, 28SD2, 28SD3-5, EF1alfa, Wingless) a 3 mitochondriálních (COI-LCOHCO, COI-JerryPat, CytB) genových úseků, což ve výsledku vytvořilo dataset o 387 Kbp. Molekulární fylogramy byly vytvořeny pomocí algoritmů maximum likelihood a MrBayes. Morfologické znaky byly namapovány na výsledný fylogenetický strom pomocí metody maximální parsimonie a byla tak sledována evoluce znaků.

Výsledky nám ukazují neplatnost původní hypotézy. Žádný rod nebyl z tribu Microdontomerini vyjmut, ale několik rodů, dříve v pozici *incertae sedis*, bylo do tribu přidáno. Monofylie tribu Microdontomerini, jak jej chápu v této práci, je velmi dobře podpořená posteriorní pravděpodobností i hodnotami bootstrapu. Pravděpodobně žádný z dříve určených znaků není sdílen všemi rody tribu Microdontomerini. Na druhou stranu, několik morfologických znaků zkoumaných v této práci je nejspíš pro tribus Microdontomerini specifických.

Klíčová slova: Torymidae, Toryminae, Microdontomerini, molekulární znaky, morfologické znaky, fylogeneze

Abstract

Superfamily Chalcidoidea (chalcid wasps) represent the most species-rich group of the Hymenoptera and includes 22 families. Family Torymidae is one of those families and its monophyly is currently intensively discussed.

This particular thesis aims at the tribe Microdontomerini (Torymidae: Toryminae). Species of this tribe are usually minute inconspicuous wasps (body length ranges from 2 to 4 mm). Recent progress in phylogenetics of chalcid wasps allows us to formulate robust hypothesis of Microdontomerini evolution, as a component of broader study of Chalcidoidea phylogeny and classification.

My approach combines molecular and morphological evidence to formulate the most plausible evolutionary scenario. Dataset of 35 mostly morphological characters for 33 taxa including all existing Microdontomerini genera and 10 outgroups has been scored. Almost all characters has been studied and documented using Hitachi S-3700N-VP scanning electron microscope. In 117 taxa, 5 nuclear genes segments (18S, 28SD2, 28SD3-5, EF1alfa, Wingless) and 3 mitochondrial genes segments (COI-LCOHCO, COI-JerryPat, CytB) were sequenced, to get together the final molecular dataset of 387 Kbp. Molecular trees were built using maximum likelihood and MrBayes algorithms. Evolution of morphological characters were mapped on the most congruent tree in order to establish the most parsimonious hypothesis for characters evolution.

My results shows us nullity of the original hypotesis. None of the original Microdontomerini taxa was excluded, but I added some, formerly classified as *incertae sedis*. The monofyly of Microdontomerini, as presented here, is very well supported by high posterior probability and by bootstrap value. None of morphological characters, previously proposed as shared for the tribe Microdontomerini, seem sto be valid. However, several morphological characters explored in this particular thesis seem to be specific for the tribe Microdontomerini.

Keywords: Torymidae, Toryminae, Microdontomerini, molecular characters, morphological characters, phylogeny

1. Úvod

Nadčeleď Chalcidoidea (Hymenoptera: Chalcidoidea) je neuvěřitelně druhově bohatá nejen v porovnání s ostatními nadčeledmi řádu blanokřídlých (Hymenoptera). Současně je popsáno zhruba 23 000 druhů a odhaduje se jich více než 500 000 (Heraty et al. 2013; Noyes 2014). Nadčeleď Chalcidoidea se v současnosti dělí do 22 čeledí a zhruba 83 podčeledí, jejichž klasifikace je stále poněkud nedořešená (Munro et al. 2011; Heraty et al. 2013).

Jednou z čeledí jsou krásenkovití – Torymidae Walker, 1833 (Chalcidoidea: Torymidae). V posledních letech se vede diskuze, zda je čeleď Torymidae, respektive její podčeledi Toryminae a Megastigminae, monofyletická skupina (Grissell 1995; Gibson et al. 1999; Gómez et al. 2008; Munro et al. 2011; Heraty et al. 2013). Zatímco zástupci podčeledi Megastigminae jsou z velké části fytofágní, v podčeledi Toryminae najdeme takové zástupce pouze výjimečně (Narendran & Kumar 2005; Gómez et al. 2008; Heraty et al. 2013).

Nadčeleď Chalcidoidea pochází pravděpodobně již ze spodní křídy (97-125 My) podle nálezů v Libanonském a Aubském jantaru (Schmidt et al. 2010; Poinar Jr. & Huber 2011) Většina diverzity nadčeledi Chalcidoidea však pravděpodobně nevznikla dříve než v Eocénu (Heraty & Darling 2009), ačkoli paleontologický záznam čeledi Torymidae je znám už ze svrchní křídy. Čeleď Torymidae by tak mohla být až 100My stará (McKellar & Engel 2012). Největší radiace a rychlá speciace v čeledi Torymidae je však spojená s rozmachem krytosemenných rostlin a tedy i holometabolního hmyzu, jako hlavním zdrojem potravy parazitoidních larev (Heraty & Darling 2009; Heraty et al. 2011; Heraty et al. 2013).

Podčeleď Toryminae tvoří více než 870 druhů v 58 rodech (Noyes 2014). Zajímavější než druhová bohatost podčeledi Toryminae je druhová bohatost hostitelů. Ti se rekrutují z více než 50 čeledí a osmi řádů. Nejvíce zastoupeným zdrojem hostitelů jsou larvy hálkotvorného hmyzu nejen z řádu blanokřídlých (Hymenoptera), ale také z řádu dvoukřídlých (Diptera). Menší část pak představují juvenilní stadia a kukly motýlů (Lepidoptera) a brouků (Coleoptera). Asi 10% diverzity hostitelů pak tvoří vajíčka hmyzu, nejčastěji kudlanek (Mantodea)(Grissell 1995). *Idiomacromerus gregarius* (Silvestri, 1943) je jedním ze dvou zástupců chalcidek, kteří parazitují dokonce na pupariích řasníků rodu *Mengenilla* (Silvestri 1943). Fytofágní druhy patří

do rodu *Torymus* Dalman, 1820, a žíví se hlavně semeny rŕžovitých (Rosaceae), například jabloní nebo javorovitých (Aceraceae)(Grissell 1995).

Tato práce je zaměřena především na fylogenezi tribu Microdontomerini. Metodami molekulární biologie reviduje dřívější fylogenetické hypotézy, především hypotézy založené na morfologických znacích. Tyto znaky se pak snaží dát do evolučního kontextu a pokouší se odhalit takové morfologické znaky, které by se daly využít při popisování a zařazování nových druhů a rodů do fylogenetické hypotézy.

2. Literární přehled

2.1. Přehled tribů podčeledi Toryminae (Hymenoptera: Torymidae)

Podčeleď Toryminae, obsahuje 7 tribů: Chalcimerini, Microdontomerini, Monodontomerini, Palachiini, Podagrionini, Torymini a Torymoidini, avšak předpokládá se existence dalších dvou tribů Boucekini, a Glyphomerini (Grissell 1995, Janšta 2014). Několik rodů bylo zařazeno do pozice *incertae sedis*: *Cryptopristus* Förster, 1856, *Echthrodape* Burks, 1969, *Exopristus* Ruschka, 1923, *Glyphomerus* Förster, 1856, *Stenotorymus* Masi, 1938, *Thaumatorymus* Ferrière & Novicky, 1954 a *Zaglyptonotus* Crawford, 1914 (Grissell 1995).

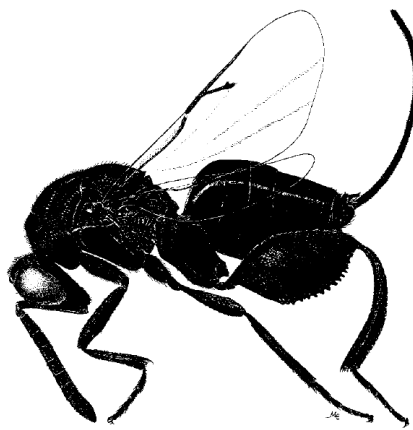
V následujícím literárním přehledu vycházím především z monografie Grissell (1995) - „*Toryminae (Hymenoptera: Chalcidoidea: Torymidae): a redefinition, generic classification and annotated world catalogue of species.*“, protože je nejucelenějším, nejkompletnějším a také asi nejsrozumitelnějším přehledem veškeré literatury týkající se podčeledi Toryminae do roku 1995. Žádná komplexnější studie zaměřená na podčeleď Toryminae i z hlediska fylogenetické analýzy morfologických a ekologických znaků doposud nebyla napsána. Literární rešerše je pak zaměřena zejména na tribus Microdontomerini, kterým se tato práce zabývá.

Některé stavy morfologických znaků budou pro absenci rozumných českých ekvivalentů v přehledu zmíněny v originálním jazyce v uvozovkách. Popsány a vysvětleny jsou v příslušné části metodiky a v příloze.

2.2. Tribus Chalcimerini

Tribus Chalcimerini byl navržen Boučkem (Bouček 1978) a zatím stále obsahuje jeden rod o jednom druhu *Chalcimerus borceai* Steffan & Andriescu, 1962 (Obr. 1)(Noyes 2014). Nicméně, Janšta (2014) navrhuje přiřadit do tribu navíc rody *Exopristoides* a *Thaumatorymus*.

Druh je kovově tmavě modrý. Délka těla samičky je 5 milimetrů a kladélko nepřesahuje svou délkou délku těla. Křídelní žilnatina se vyznačuje marginální žilkou stejně dlouhou jako

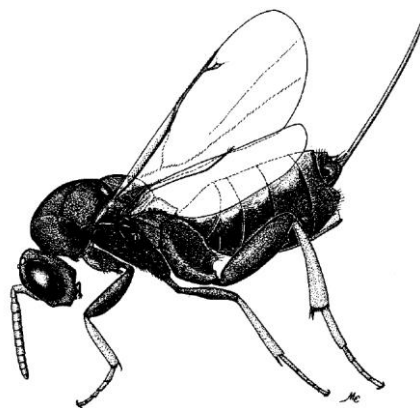


Obr.1 *Chalcimerus borceai* Steffan & Andriescu, 1962
Přejato z Grissella (1995)

žilka stigmální. Oproti délce postmarginální žilky je délka marginální žilky poloviční. Stehno („femur“) zadní nohy je ztloustlé („swollen“) a nese na své ventrální straně řadu výrazných zubů („bigteeth“). Holeň („tibia“) zadní nohy je pak výrazně prohnutá posteriorním směrem. Okcipitální rýha je po dorsální straně vyklenutá a blíže zadním ocelli než okcipitálnímu otvoru. Druh je dnes znám pouze z palearktické oblasti a jeho hostitelem jsou larvy žlabatek tvořící háčky v tobolkách máku (Grissell 1995).

2.3. Tribus Monodontomerini

Podle Grissella (1995) obsahuje tribus Monodontomerini Ashmead, 1899, 59 druhů v následujících 10 rodech: *Amoturoides* Girault, 1932, *Anneckeida* Bouček, 1978, *Chrysochalcissa* Girault, 1915, *Monodontomerus* Westwood, 1833, (Obr. 2), *Oopristus* Steffan, 1968 *Perissocentrus* Crawford, 1910, *Pradontomerus* Bouček, 1978, *Rhynchodontomerus* Novicky & De Santis, 1961, *Rhynchotica* Bouček, 1978 a *Zdenekius* Grissell,



Obr.2 *Monodontomerus aeneus*
Fonscolombe, 1832
Přejato z Grissella (1995)

1993. Nicméně, Bouček (1988) sem řadil i rod *Austroamotura* Girault, 1934, který byl Grissellem (1995) na základě struktury tergitů Mt8-Mt9 přeražen do čeledi Pteromalidae (Hymenoptera: Chalcidoidea). Munro et al. (2011) by však na základě molekulární analýzy 18S a 28S rDNA z tribu Monodontomerini vyčlenili rod *Chrysochalcissa* a naopak do něj zařadili rod *Zaglyptonotus*, avšak při rozsáhlém taxonomickém záběru této práce a použití pouze dvou genů nelze brát tyto výsledky jako nezvratné. Janšta et al. (2013) by pak do tribu Monodontomerini zařadil také nově popsáný rod *Chileana* Janšta & Křížková, 2013. Podle Noyese (2014) však současně tvoří tribus Monodontomerini 76 druhů v 11 výše zmíněných rodech, kdy oproti Grissellovi (1995) přidává rod *Austroamotura*, ale nezařazuje rody *Zaglyptonotus* a *Chileana*, které by do tribu Monodontomerini zařadili jiní (Munro et al. 2011; Janšta et al. 2013).

Tribus Monodontomerini se vyznačuje marginální žilkou 4x až 6,5x delší než je žilka stigmální a 1,5x až 3x delší než je žilka postmarginální. Okcipitální rýha bývá na dorsální straně rovná a blíže okcipitálnímu otvoru než zadním ocelli. Na ventrální straně se pak napojuje na hypostomální rýhu. Tvar stehna zadní nohy bývá zpravidla modifikován. Tři apikální články tykadla, tvořící paličku („clavu“), jsou od sebe jasně

odlišitelné a na ventru nenesou tzv. „micropilosity area“ (Grissell 1995).

Tribus je rozšířen po celé holarktické oblasti. Jeho hostitelské spektrum se soustřeďuje především na motýly, žahadlové blanokřídlé a širopasé blanokřídlé. Zástupci tribu Monodontomerini jsou pak jedinými v čeledi Torymidae, kteří parazitují na kuklicovitých mouchách (Diptera: Tachinidae), na lumcích (Hymenoptera: Ichneumonidae), na vajíčkách ploštic z čeledi vroubenkovití (Heteroptera: Coreidae) a nadčeledi Pentatomoidea (Heteroptera: Pentatomoidea) a na vajíčkách kobylek (Orthoptera: Ensifera: Tettigoniidae). Naopak nejsou nacházeni na vajíčkách kudlanek (Mantodea) na rozdíl od zástupců tribu Microdontomerini (Grissell 1995).

2.4. Tribus Palachiini

Tribus Palachiini byl ustanoven Boučkem (Bouček 1976). V současnosti obsahuje tribus 31 druhů ve 4 rodech. Největší diverzitu tribu reprezentuje rod *Palachia* Bouček, 1969, (Obr. 3) s 25 druhy. Zbývající známá diverzita spadá do rodů *Propalachia* Bouček, 1978, *Neopalachia* Bouček, 1978 a fosilního rodu *Gummilumpus* Grissell, 1995 (Noyes 2014). Grissell (1995) uvádí důležité znaky. Druhy patřící do tribu Palachiini



Obr.3 *Palachia caudata* Bouček, 1978
Přejato z Grissella (1995)

jsou 2-3 milimetry dlouhé, často jasně barevné s kovovým leskem. Kladélko většinou nepřesahuje délku těla. Stehno zadní nohy je buď jednoduché, nezvětšené („simple“) se dvěma, či více nápadnými zuby, nebo ztloustlé („swollen“) s jednou řadou zubů. Holeň zadní nohy je mírně bazálně prohnutá se dvěma apikálními trny, z nichž jeden může být snadno přehlédnutelný. Okcipitální rýha je dobře vyvinutá a téměř se napojuje na hypostomální rýhu v její horní části. Odtud pak okcipitální rýha vede paralelně s hypostomální rýhou až do spodní poloviny hypostomální rýhy, kde dochází ke spojení.

Tribus je rozšířen zejména v orientální a afrotropické oblasti. Několik druhů je popsáno i z palearktické a neotropické oblasti z čehož jeden z Dominikánského jantaru (Grissell 1995). Nalézt je můžeme především v otevřené krajině, např. savaně (Bouček 1998).

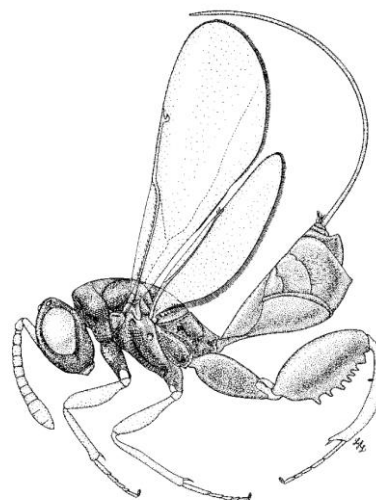
Množina hostitelů, které zástupci tribu napadají, doposud nebyla objasněna. Nicméně, druh *Palachia mangane* Narendran, 1984, byl získán z oothéky blíže neurčené kudlanky (Narendran 1984).

2.5. Tribus Podagrionini

Tribus Podagrionini Ashmead, 1904, současně tvoří 140 druhů v 7 rodech: *Mantiphaga* Ferrière, 1955, *Micropodagrion* Ferrière, 1955, *Palmon* Dalman, 1826, *Podagriomicon* Narendran & Mercy, 2010, *Podagrion* Spinola, 1811, *Podagrionella* Girault, 1914 a *Propachytomoides* Girault, 1917. Naprostá většina diversity je doposud popsána v rodu *Podagrion* (Obr. 4) (Noyes 2014). Rozšíření tribu je veskrze celosvětové, avšak nejčastěji na jeho zástupce narazíme v tropických oblastech (Grissell 1995).

Zástupce tribu rozpoznáme díky kombinaci zvětšeného stehna zadní nohy nesoucího řadu výrazných zubů na ventrální hraně, značně prohnuté holeně zadní nohy s apexem vybíhajícím v trnovitý výběžek avšak nesoucím jedinou ostruhu, plně vyvinuté okcipitální rýhy napojující se na hypostomální rýhu v oblasti bazální části kusadel („mandibul“), marginální žilky 3x až 9x delší než žilka stigmální a 4x až 9x delší než žilka postmarginální a výrazné oblasti „micropilosity“ na ventru paličky tykadla („clava“ - poslední tři apikální flagellomery). Délka těla se pohybuje zhruba od 3 do 5 milimetrů a kladélko často několikanásobně tuto délku přesahuje. Druhy bývají jasně kovově zbarvené (Grissell 1995).

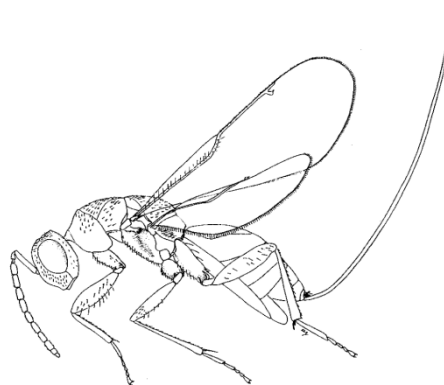
Pokud je známo, zástupci tribu Podagrionini nacházejí své hostitele nejspíš především v řádu kudlanek (Mantodea) a jeví se jako striktní vaječní parazitoidi. Nicméně, Grissell (1995) diskutuje možnou adaptivní alternaci hostitelů a svou domněnku dokládá několika pozorováními, kdy se dospělí zástupci druhů, běžně parazitujících na kudlankách, objevují v uzavřených nádobách s vajíčky nebo kuklami motýlů.



Obr.4 *Podagrion mantis*, Ashmead, 1886
Přejato z Grissella (1995)

2.6. Tribus Torymini

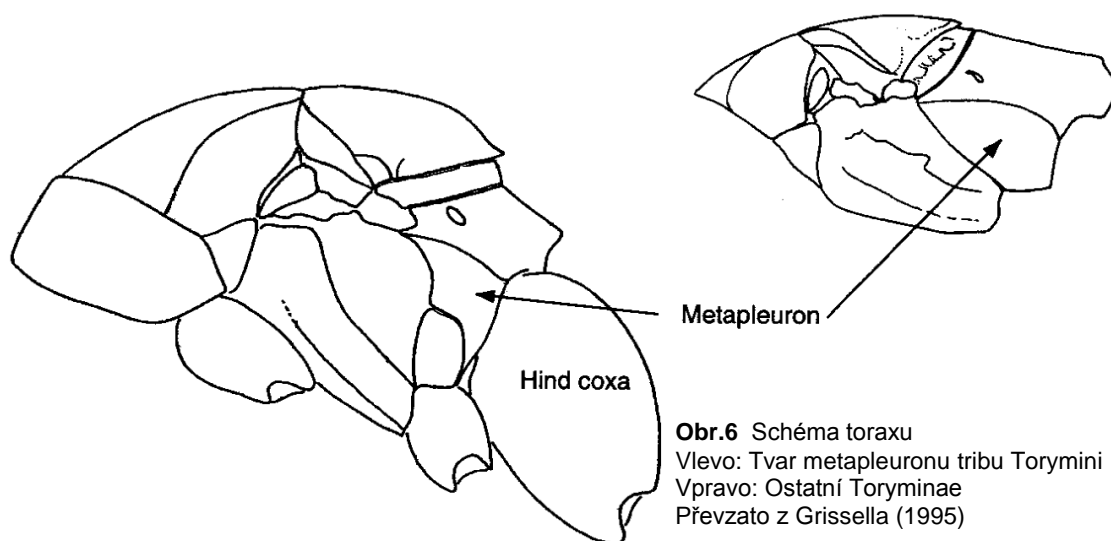
Torymini Walker, 1833, jsou v současnosti jednoznačně druhově nejbohatším tribem v podčeledi Toryminae, ve smyslu Grissella (1995). Tribus Torymini aktuálně obsahuje přes 400 druhů v následujících 10 rodech: *Allotorymus* Huber, 1927, *Austorymus* Bouček, 1988, *Ecdamua* Walker, 1862, *Lissotorymus* Kamijo, 1961, *Mesodiomorus* Strand, 1911, *Odopoa* Walker, 1871, *Ovidia* Girault, 1924, *Physothorax* Mayr, 1885, *Plesiostigmodes* Ashmead, 1904, *Torymus* Dalman, 1820 (Obr. 5)(Noyes 2014). Přes 90% druhové bohatosti je pak zastoupeno v rodu *Torymus*.



Obr.5 *Torymus rugglesi* Milliron, 1959
Převzato z Grissella (1995)

U takto obsáhlého tribu nepřekvapí, že jeho rozšíření je celosvětové, ačkoli převážná část druhů se vyskytuje na severní polokouli. Vybíjejí se především jako parazitoidi mnoha různých druhů hálkotvorných žlabatek (Hymenoptera: Cynipidae) a bejlomerek (Diptera: Cecidomyiidae). Některé druhy však můžeme označit jako parazitoidy žahadlových (Hymenoptera: Aculeata), brouků (Coleoptera), motýlů (Lepidoptera) či například vajíček cikád (Hemiptera: Cicadidae). V rodu *Torymus* jsou však známy i druhy zcela fytofágní, pravděpodobně však druhotně (Grissell 1995).

Při specifikaci znaků typických pro tribus Torymini vyjadřuje Grissell (1995) své přesvědčení o přítomnosti výhradní autapomorfie této skupiny. Na ventrální straně metapleuronu se u zástupců tribu Torymini nachází dobře rozpoznatelný výběžek, který



Obr.6 Schéma toraxu
Vlevo: Tvar metapleuronu tribu Torymini
Vpravo: Ostatní Toryminae
Převzato z Grissella (1995)

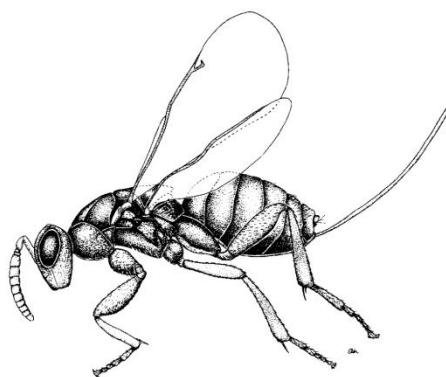
u zástupců ostatních tribů podčeledi Toryminae chybí. Pro přesnější představu příkládám názorné schéma (Obr. 6). Obecně jsou pak druhy tribu Torymini 1-5 milimetrů dlouhé, přičemž kladélko může tuto délku až několikanásobně přesahovat. Stehno zadní nohy bývá jednoduché („simple“). Okcipitální rýha je dobře vyvinuta, při dorsální straně blíže k zadním ocelli než k okcipitálnímu otvoru a téměř nebo zcela se dotýká rýhy hypostomální. Často velmi dlouhá marginální žilka je 4,5x-15x delší než žilka stigmální a 1x- 10x delší než žilka postmarginální. Palička tykadla nenese na ventrální straně „micropilosity area“.

2.7. Tribus Torymoidini

Tribus Torymoidini Grissell, 1995, je zastoupen 110 druhy v 6 rodech: *Aloomba* Girault, 1921, *Boucekinus* Janšta & Hanson, 2011, *Platykula* Huber, 1927, *Pseudotorymus* Masi, 1921, *Torymoidellus* Bouček, 1988, *Torymoides* Walker, 1871 (Obr. 7). Přes 95% druhové bohatosti je však rozděleno mezi rody *Pseudotorymus* a *Torymoides* (Noyes 2014).

Ačkoli je tribus Torymoidini aktuálně 4x méně bohatý, co do počtu druhů, než tribus Torymini, nemůžeme to samé říci o hostitelském spektru. V tribu Torymoidini sice zatím nejsou známy druhy fytofágní nebo vaječní parazitoidi, ale šíře hostitelů z řad hálkotvorných blanokřídlých a dvoukřídlých je srovnatelná a majoritní pro oba triby. Hlavními oblastmi rozšíření tribu Torymoidini jsou Austrálie a palearktická oblast. V ostatních regionech je momentální známé zastoupení relativně malé (Grissell 1995).

Většina druhů náležících do tribu Torymoidini je 2-4 milimetry dlouhá a kladélko tuto délku zřídka překoná. Většina druhů je kovově jasně barevná, ale jsou známy i druhy s nenápadným zbarvením. Od tribu Torymini se Torymoidini liší hlavně přímou ventrální stranou metapleuronu. Okcipitální rýha je při dorsální hraně blíže zadním ocelli než okcipitálnímu otvoru a je vypouklá směrem k zadním ocelli. Ve své ventrální části vybíhá okcipitální rýha až po úroveň dorsální části hypostomálního otvoru, avšak na hypostomální rýhu se nenapojuje. Marginální žilka bývá 6x-12x delší než žilka stigmální a 3x-7x delší než žilka postmarginální.

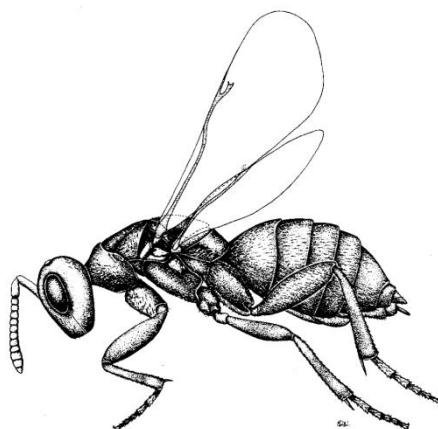


Obr.7 *Torymoides* sp.
Převzato z Grissella (1995)

2.8. Tribus Microdontomerini

Tribus Microdontomerini byl ustanoven roku 1995 (Grissell 1995). Do tribu bylo zahrnuto 67 validních druhů v 10 rodech na základě několika sdílených znaků, nikoli však exkluzivních.

Jedná se především o tyto znaky: absence okcipitální rýhy, která však může být částečně přítomna a to především na dorsální straně, vždy však blíže zadním ocelli než okcipitálnímu otvoru, délka marginální žilky 2x až 4.5x přesahující délku žilky stigmální a 1.5x až 2.5x přesahující délku žilky postmarginální, stehno zadní nohy



Obr.8 *Erimerus wickhami*♂
Ashmead, 1904
Převzato z Grissella (1995)

jednoduché, nezvětšené („simple“) bez zoubků a jiných modifikací. Zástupci tribu Microdontomerini jsou většinou nenápadní, s délkou těla 2-4 milimetry. Bohužel, poměr délek žilek na předním křídle je z velké části sdílen tribem Monodontomerini a ani stehno zadní nohy není zdaleka u všech zástupců tribu Microdontomerini zcela bez modifikací.

Tribus Microdontomerini podle Grissella (1995) obsahuje těchto 10 rodů: *Adontomerus* Nikol'skaya, 1955, *Ditropinotus* Crawford, 1907, *Eridontomerus* Crawford, 1907, *Erimerus* Crawford, 1914 (Obr. 8), *Idarnotorymus* Masi, 1916, *Idiomacromerus* Crawford, 1914, *Microdontomerus* Crawford, 1907, *Ophiopinotus* Husain & Kudeshia, 1987, *Pseuderimerus* Gahan, 1919, a *Zophodetus* Grissell, 1980. Rod *Ophiopinotus* řadí Grissell (1995) mezi Microdontomerini spíše provizorně jako *incertae sedis*, protože jej nemohl morfologicky zkoumat. K tomuto rodu totiž není dochován typový materiál a rod doposud obsahuje pouze jediný popsáný druh *Ophiopinotus pinotus* Husain & Kudeshia, 1987. Já považuji tento záznam za irelevantní a dále se jím nebudu zabývat. Rod *Zophodetus* je popsán podle fosilního jedince z Dominikánského jantaru a recentně neobsahuje žádné žijící druhy. Dále následuje přehled rodů tribu Microdontomerini, poněvadž tento tribus je hlavním objektem zkoumání této práce.

2.8.1. *Adontomerus*

Typový druh *Adontomerus eriogasteris* Nikol'skaya, 1955

Rod je znám z palearktické oblasti a jako hostitelé jsou uváděni motýli z čeledi bourcovití (Lepidoptera: Lasiocampidae), dále žlabatky (Hymenoptera: Cynipidae) a čalounice (Hymenoptera: Megachilidae) (Grissell 1995).

Rod *Adontomerus* Nikol'skaya, 1955 je v rámci tribu rozpoznáván díky kombinaci následujících znaků: stehno zadní nohy štíhlé a jednoduché, nezvětšené („simple“) nebo mírně ztloustlé („swollen“), okcipitální rýha přítomna pouze dorsálně, marginální žilka 2x – 3x delší než žilka stigmální, flagellum tykadla začíná jedním anellem, u obou pohlaví je druhý a třetí zadečkový tergít mírně mediálně protažen (Grissell 1995).

Do rodu *Adontomerus* současně patří druhy *A. amygdali* (Bouček, 1958), *A. brevicaudatus* Askew & Nieves-Aldrey, 2007, *A. centaurei* Zerova, 2013, *A. confusus* Askew, 2000, *A. crassipes* (Bouček, 1982), *A. eriogasteris*, *A. gregalis* (Steffan, 1964), *A. impolitus* (Askew & Nieves-Aldrey, 1988), *A. nesterovi* Zerova, 1985, *A. robustus* (Bouček, 1969) a *A. trjapitzini* Zerova, 2013 (Grissell 1995; Askew 2000; Askew et al. 2007; Zerova et al. 2013b; Noyes 2014).

2.8.2. *Ditropinotus*

Typový druh *Ditropinotus aureoviridis* Crawford, 1907

Rozšíření a taxony hostitelů jsou stejné jako u rodu *Eridontomerus* (viz níže).

Tento rod v současnosti obsahuje jen dva druhy – *D. aureoviridis* a *D. obscurus* Nikol'skaya, 1952. Rod *Ditropinotus* ve značné míře sdílí znaky s rodem *Eridontomerus*: stehno zadní nohy zvrásněné („serrate“), pár submediálních lišt na propodeu a jeden anellus na flagellu tykadla. Pro rozlišení od rodu *Eridontomerus* pak Grissell (1995) uvádí, že zatímco u rodu *Eridontomerus* je okcipitální rýha po dorsální straně zřetelná, u rodu *Ditropinotus* není jasně rozlišitelná od okolního kutikulárního zvrásnění.

2.8.3. *Eridontomerus*

Typový druh *Eridontomerus isosomatis* (Riley, 1882)

Druh *Eridontomerus primus* Crawford, 1914, podle kterého byl rod *Eridontomerus* popsán, byl později synonymizován s dříve popsáním taxonem *E. isosomatis* (Gahan 1921). Současně je v rodu *Eridontomerus* rozpoznáváno 12 druhů: *E. algericus* Erdős, 1964, *E. arrabonicus* Erdős, 1954, *E. biroi* Ruschka, 1923, *E. bouceki* Zerova &

Seryogina, 1991, *E. cyaneus* Janšta & Bouček, 2006, *E. fulviventris* Erdös, 1954, *E. isosomatis* (Riley, 1882), *E. laticornis* (Förster, 1859), *E. occultus* Szelenyi, 1973, *E. rufipes* Erdös, 1954, *E. sapphyrinus* Zerova & Seryogina, 1999, *E. syrphi* (Förster, 1859) (Grissell 1995; Zerova & Seryogina 1999a; Janšta & Bouček 2006; Noyes 2014).

Rod *Eridontomerus* je rozšířen zejména v palearktické oblasti. Druhy nalezené v Novém světě jsou s největší pravděpodobností důsledkem introdukce (Grissell 1995). Mezi hostitele se počítají larvy chalcidek z čeledi tmavkovitých (Hymenoptera: Chalcidoidea: Eurytomidae) a pozorováno bylo také líhnutí z hálek bejlomorkovitých (Diptera: Cecidomyiidae) na stoncích lipnicovitých trav (Poaceae) (Grissell 1995).

Rod je rozpoznáván podle stejných znaků jako výše zmíněný rod *Ditropinotus*. Pro rozlišení se pak používá okcipitální rýhy, která je u rodu *Eridontomerus* jasně zřetelná.

2.8.4. *Erimerus*

Typový druh *Erimerus wickhami* (Ashmead, 1904).

Zatím jediný druh rodu se nachází v nearktické oblasti na území Arizony a Utahu. Získán byl z hálek na lipnicovitých travách (Poaceae), pravděpodobně hálek tmavek (Hymenoptera: Chalcidoidea: Eurytomidae). V rámci tribu je rozpoznatelný díky jediné apikální ostruže na holeni zadní nohy. Stehno zadní nohy je jednoduché, nezvětšené („simple“), jediný anellus na bázi flagella je delší než široký. Ostatní flagellomery jsou neredukované (Crawford 1914; Grissell 1995).

Druh *E. wickhami* byl původně zařazen Ashmeadem do rodu *Torymus*, ale nakonec byl Crawfordem přerazen do nového rodu *Erimerus* (Crawford 1914), kde je doposud jediným druhem (Noyes 2014).

2.8.5. *Idiomacromerus*

Typový druh *Idiomacromerus bimaculipennis* Crawford, 1914.

Podle Grissella (1995) je tento rod v rámci tribu Microdontomerini rozpoznáván pomocí kombinace jednoduchého stehna zadní nohy, marginální žilky, která je 2x-4.5x delší než žilka stigmální, počtem dvou a více anelli na bázi flagella tykadla a také nejasnou až zcela chybějící okcipitální rýhou. Do tohoto rodu bylo v roce 1995 řazeno 26 druhů, dnes je to již 43 (Grissell 1995; Noyes 2014).

Podle Noyese (2014) to jsou *I. africanus* (Erdös, 1964), *I. arcus* (Bouček, 1969),

I. artusis Zerova, 2013, *I. augustini* (Erdős, 1964), *I. balasi* (Szelényi, 1957), *I. bimaculipennis* Crawford, 1914, *I. bouceki* (Zerova & Seryogina, 1997), *I. budensis* (Erdős, 1955), *I. carayoni* (Steffan, 1986), *I. centaureae* (Askew & Nieves-Aldrey, 1988), *I. conicollis* Askew, 1997, *I. curticaudatus* (Szelényi, 1981), *I. eltonicus* (Zerova & Seryogina, 1997), *I. ephedricola* Askew, 2000, *I. gallicola* (Risbec, 1952), *I. gregarius* (Silvestri, 1943), *I. grisselli* Zerova & Seryogina, 1999, *I. insuetus* (Gahan, 1917), *I. kaszabi* (Szelényi, 1973), *I. korneyevi* Zerova & Seryogina, 2001, *I. longicornis* Askew, 1997, *I. longicarpus* (Abdul-Rassoul, 2000), *I. luteus* Nieves-Aldrey & Askew, 2007, *I. lysander* (Szelényi, 1959), *I. mayri* (Wachtl, 1883), *I. mesoplanus* Askew & Nieves-Aldrey, 2007, *I. mirabilis* Zerova, 2002, *I. nitens* (Bouček, 1982), *I. pallistigmus* Askew, 2000, *I. pannonicus* (Ruschka, 1923), *I. papaveris* (Förster, 1856), *I. perplexus* (Gahan, 1914), *I. persimilis* Zerova, 2013, *I. phlomidis* (Zerova & Seryogina, 1997), *I. pulcher* (Zerova & Seryogina, 1997), *I. regillus* (Steffan, 1962), *I. semiaeneus* (Szelényi, 1957), *I. silybi* Askew, 2004, *I. splendidus* (Szelényi, 1957), *I. terebrator* (Masi, 1916), *I. trachypogonis* (Risbec, 1956), *I. urospermi* Askew, 2004, *I. variegatus* (Szelényi, 1959) (Askew 1997; Zerova & Seryogina 1997; Zerova & Seryogina 1999b; Abdul-Rassoul 2000; Askew 2000; Zerova & Seryogina 2001; Zerova et al. 2002; Askew et al. 2004; Nieves-Aldrey et al. 2007; Zerova et al. 2013a).

Velikosti rodu odpovídá také rozšíření a spektrum hostitelů. Rod je rozšířen nejen v palearktické oblasti, ale i v afrotropické oblasti a v Novém světě, i když zde se pravděpodobně opět jedná o introdukci (Grissell 1995). Kromě hálkotvorných žlabatek (Hymenoptera: Cynipidae) a bejlmerek (Diptera: Cecidomyiidae) jsou hostiteli také zrnožravé tmavky (Hymenoptera: Chalcidoidea: Eurytomidae) a *Idiomacromerus gregarius* napadá dokonce řasníky rodu *Mengenilla* Hofeneder, 1910 (Silvestri 1943; Grissell 1995).

2.8.6. *Idarnotorymus*

Typový druh *Idarnotorymus pulcher* Masi, 1916

Rod byl ustanoven roku 1916 a dlouhou dobu obsahoval pouze jeden druh. Od roku 2008 je však do tohoto rodu zařazen také *Idarnotorymus burdurensis* (Doganlar & Doganlar 2008; Noyes 2014).

Rozšíření rodu je palearktické. *Idarnotorymus pulcher* je parazitoidem larvy tmavky *Tetramesa brevicollis* Walker, 1836 (Grissell 1995).

Kvůli podobnosti s rody *Ditropinotus* a *Eridontomerus* se zvažovala jejich blízká příbuznost. Rozlišovacím znakem oproti těmto rodům jsou ozubená stehna zadní nohy, absence propodeálních rýh a hluboké vykrojení tergítů zadečku (Grissell 1995).

2.8.7. *Microdontomerus*

Typový druh *Microdontomerus anthonomi* (Crawford, 1907)

Druh *M. anthonomi* byl Crawfordem nejprve přiřazen do rodu *Torymus*, ale ještě téhož roku pro něj vytvořil nový rod *Microdotomerus* (Crawford 1907a; Crawford 1907b)

Grissell (1995) v tomto rodu registruje 8 validních druhů. Současně je to již 24 druhů: *M. albipes* (Giraud, 1870), *M. annulatus* (Spinola, 1808), *M. anthidii* (Ashmead, 1895), *M. anthonomi* (Crawford, 1907), *M. apianus* Grissell, 2005, *M. bicoloripes* (Crawford, 1914), *M. braconivorus* Grissell, 2005, *M. buprestae* Grissell, 2005, *M. ciscida* Grissell, 2005, *M. darwini* Grissell, 2005, *M. eboreus* Grissell, 2005, *M. enigma* Grissell, 2005, *M. fumipennis* Crawford, 1916, *M. gallicolus* Zerova & Seryogina, 1999, *M. gordhi* Grissell, 2005, *M. hemileucaae* Grissell, 2005, *M. mysticus* Grissell, 2005, *M. ovivorus* (Steffan, 1967), *M. parkeri* Grissell, 2005, *M. rictus* Grissell, 2005, *M. secus* Grissell, 2005, *M. senegalensis* (Risbec, 1951), *M. westcotti* Grissell, 2005 a *M. zoyphius* Grissell, 2005 (Zerova & Seryogina 1999b; Grissell 1995, 2005; Noyes 2014).

Uvnitř tribu se rod *Microdontomerus* vyznačuje kombinací jednoduchého stehna zadní nohy („simple“), absencí okcipitální rýhy a marginální žilkou 3.5x až 4.5x delší než stigmální žilka (Grissell 1995). Počet anelli jako rozlišovací znak pak Grissell (2005) v podstatě vylučuje, poněvadž počet záleží na velikosti konkrétního jedince a na pohlaví. Druhy rodu *Microdontomerus* jsou velice podobné druhům rodu *Idiomacromerus*. Grissell (2005) přiznává, že v těchto dvou rodech je potřeba revize a jako hlavní znaky rozlišující tyto dva rody uvádí okcipitální rýhu a počet anelli. Okcipitální rýha vždy zcela chybí u druhů rodu *Microdontomerus* a u druhů rodu *Idiomacromerus* by měl být vždy nalezen alespoň náznak této kutikulární struktury, pokud není jasně zřetelná. Počet anelli je sice u rodu *Microdontomerus* variabilní, nicméně, zástupci rodu *Idiomacromerus* by měli mít vždy více než jeden anellus.

Nejvíce druhů rodu *Microdontomerus* je v současné době známo ze Severní Ameriky, nicméně to je dáno hlavně prací Grissella (2005), který v tomto rodu popsal většinu druhů. Druhy jsou ale popsány i z palearktické oblasti (*M. albipes*, *M. annulatus*,

M. gallicolus a *M. ovivorus*) a z Afriky (*M. senegalensis*)(Grissell 2005).

Hostitelské spektrum rodu *Microdontomerus* je poměrně různorodé. Jeho zástupci mohou být hyperparazitoidi nebo napadají různá vývojová stádia mnoha motýlů (Lepidoptera), larev různých druhů blanokřídlých (Hymenoptera) a brouků (Coleoptera). Někteří jsou pak vaječní parazitoidi ploštic (Heteroptera) nebo kudlanek (Mantodea)(Grissell 2005).

2.8.8. Pseuderimerus

Typový druh *Pseuderimerus mayetiolae* Gahan, 1919

Grissell (1995) do rodu *Pseuderimerus* zahrnuje 8 druhů, dnes je to 11 druhů: *P. bouceki* Zerova & Seryogina, 1994, *P. burgeri* Burks, 2004, *P. corianderi* Narendran & Mercy, 2012, *P. femoratus* Gahan, 1933, *P. flavus* (Nikol'skaya, 1952), *P. indicus* (Subba Rao & Bhatia, 1962), *P. irani* Zerova & Seryogina, 2008, *P. luteolus* Zerova & Seryogina, 1990, *luteus* Bouček, 1954, *P. mayetiolae* Gahan, 1919, *P. semiflavus* Gahan, 1933 (Zerova & Seryogina 1994; Burks & Redak 2004; Zerova & Seryogina 2008; Narendran et al. 2012).

Oproti Grissellovi (1995) v rodu *Pseuderimerus* již nenajdeme druh *P. semiaeneus*, který byl přesunut do rodu *Idiomacromerus* (Zerova & Seryogina 1999c).

Mezi rody tribu Microdontomerini se rod *Pseuderimerus* vyznačuje jednoduchým stehnem zadní nohy s jedním apikálním trnem na holeni zadní nohy a prvním anellem výrazně širším, než dlouhým. Otázka anelli je pro tento rod pak diskutována s ohledem na absenci sensil na několika dalších flagellomérách (Grissell 1995).

Rozšíření rodu se vztahuje na palearktickou a nearktickou oblast a oblast severní Indie. Jako hostitelé jsou uváděni zástupci tmavek (Hymenoptera: Eurytomidae) a bejlomorek (Diptera: Cecidomyiidae)(Grissell 1995)

2.9. Rody podčeledi Toryminae incertae sedis

Následuje přehled 7 rodů, které Grissell (1995) označuje v podčeledi Toryminae jako *incertae sedis*. Jsou to *Cryptopristus* Förster, 1856, *Echthrodape* Burks, 1969, *Exopristus* Ruschka, 1923, *Glyphomerus* Förster, 1856, *Stenotorymus* Masi, 1938, *Thaumatorymus* Ferrière & Novicky, 1954 a *Zaglyptonotus* Crawford, 1914.

Jejich současná pozice je diskutována především v části zabývající se vývojem fylogenetických hypotéz od Grissella (1995) do současnosti a také ve výsledcích, diskuzi a závěru.

2.9.1. *Cryptopristus*

Typový druh *Cryptopristus caliginosus* Walker, 1833

Rod *Cryptopristus* aktuálně sdružuje 3 druhy: *C. caliginosus*, *C. harrisii* Fitch, 1862 a *C. salviae* Zerova, 2008 (Zerova et al. 2008; Noyes 2014). Rozpozná se podle kombinace stehna zadní nohy nesoucího jeden až několik málo zubů, rovné zadní holeně a 2 prodloužených tergítů (Mt2 - Mt3) s výrazným dorsálním zářezem. Křídelní žilnatinu označuje jako „pteromalid-like“ (Grissell 1995; Zerova et al. 2008).

Dnešní známé rozšíření rodu *Cryptopristus* se vztahuje na palearktickou oblast a Severní Ameriku. Zatímco Grissell (1995) zmiňuje hostitele z čeledi tmavkovitých (Eurytomidae) na lipnicovitých travách, Zerova et al. (2008) označuje za hostitele druhu *C. salviae* hálkotvorné blanokřídlé.

2.9.2. *Echthrodape*

Typový druh *Echthrodape africana* Burks, 1969.

Rod aktuálně obsahuje pouze dva druhy: *E. africana* a *E. papuana* Bouček, 1988 s rozšířením odpovídajícím názvu druhů, tedy Afrika a Papua Nová Guinea. (Grissell 1995, Noyes 2014). Jako hostitele Grissell (1995) označuje včely pelonosky (Hymenoptera: Apinae: Anthophorini).

Zástupci rodu jsou rozpoznáni především díky redukovaným mandibulám a stehnu zadní nohy s jedním velkým zubem. Okcipitální rýha je dobře vyvinutá vedena ve své dorsální části vodorovně ve stejné vzdálenosti od zadních ocelli jako od okcipitálního otvoru. Ve své ventrální části pak končí na úrovni hypostomálního můstku. Křídelní žilnatina je v distální části redukována. Marginální žilka je relativně krátká a ztlouští.

2.9.3. *Exopristus*

Typový druh *Exopristus trigonomerus* Masi, 1916

Grissell (1995) synonymizoval rody *Exopristus* a *Exopristoides* Bouček, 1982, nicméně s tím nesouhlasí Zerova et al. (2004) a recentně tak tyto dva rody rozlišujeme, přičemž *Exopristus* obsahuje současně pouze druh *E. trigonomerus* (Noyes 2014).

Rozdíly mezi rody můžeme najít ve tvaru hlavy, kdy *Exopristoides* ji má dorsoventrálně protaženou oproti druhu *Exopristus trigonomerus*. *Exopristus* nevykazuje frenální rýhu. Pokud porovnáme stehna zadní nohy, pak zde oba rody vykazují veliký tupý zub, avšak u rodu *Exopristus* je tento zub následován 1-4 méně výraznými zuby, zatímco u rodu *Exopristoides* je to řada výrazných zubů (Ruschka 1923; Bouček 1982; Zerova et al. 2004).

2.9.4. Glyphomerus

Typový druh *Glyphomerus stigma* Fabricius, 1793.

Současně je do rodu *Glyphomerus* řazeno 9 druhů: *G. aylax* Stojanova, 2005, *G. carinatus* Nikol'skaya, 1952, *G. europaeus* Erdős, 1957, *G. flavabdomen* Zerova, 2008, *G. isosomatis* Zerova & Seryogina, 1999, *G. montanus* Zerova & Seryogina, 1999, *G. parvulus* Zerova & Seryogina, 2000, *G. stigma* Fabricius, 1793 a *G. tibialis* Förster, 1856 (Zerova & Seryogina 1999d; Zerova & Seryogina 2000; Stojanova 2005; Zerova et al. 2008; Noyes 2014). Nicméně zdá se býti zcela jasné, že v této podobě jde o rod polyfyletický (Janšta 2014).

Rozšíření rodu se zdá být holarktické. Hostitelé se rekrutují ze žlabatek (Cynipidae) a tmavek (Eurytomidae) (Grissell 1995).

Rod *Glyphomerus* je podle Grissella (1995) definován křídelní žilnatinou „pteromalid-like“, okcipitální rýhou spíše blíže zadním ocelli než okcipitálnímu otvoru a na ventrální straně dosahující úrovně ventrálního okraje okcipitálního otvoru, jednoduchým, nezvětšeným („simple“) stehnem zadní nohy, dvěma nemodifikovanými ostruhami na apexu holeně, která není prohnutá, a jediným anellem na flagellu tykadla.

2.9.5. Stenotorymus

Typový druh *Stenotorymus linearis* Masi, 1938.

Rod zatím obsahuje jediný druh (Noyes 2014) vyskytující se v orientální a afrotropické oblasti. Není pro něj známý hostitelský organismus. Rozpoznatelný je díky čtvercovému tvaru hlavy z dorsálního pohledu, absenci okcipitální rýhy a laterálně zúženého zadečku s tergity bez zářezů (Grissell 1995).

2.9.6. Thaumatorymus

Typový druh *Thaumatorymus notanisoides* Ferrière & Novicky, 1954.

Rod má stále pouze jednoho zástupce nalézaného ve středomořské oblasti. Jeho životní cyklus je spjat s hálkami žlabatek na hvězdicovitých rostlinách (Asteraceae). *Thaumatorymus notanisoides* má redukovanou křídelní žilnatinu, okcipitální rýhu vyvinutou pouze v horní polovině hlavy, stehno zadní nohy ozubené a zadečkové tergity bez zářezů (Grissell 1995).

2.9.7. Zaglyptonotus

Typový druh *Zaglyptonotus schwarzi* Crawford, 1914.

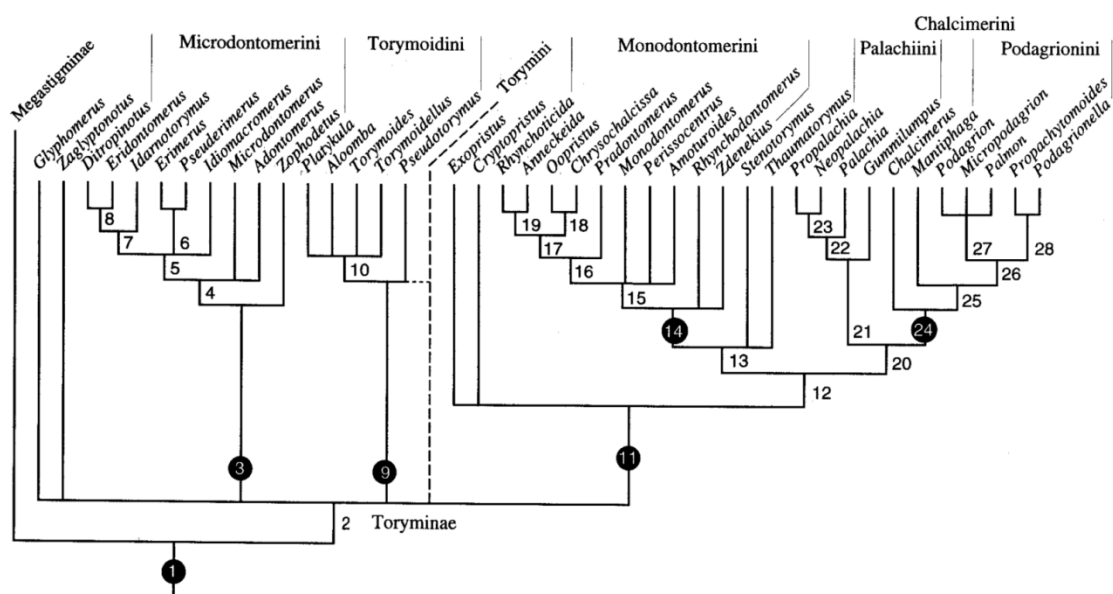
Rod současně sdružuje 3 druhy: *Z. bruchi* Girault, 1917, *Z. mississippiensis* Breland, 1938 a *Z. schwarzi* (Noyes 2014). Jejich rozšíření je v Nearktu i Neotropce. Druhy rodu napadají vrtulovité mouchy (Diptera: Tephritidae), makadlovkovité motýly (Lepidoptera: Gelechiidae) a nosatcovité brouky (Coleoptera: Curculionidae).

Zástupci rodu *Zaglyptonotus* jsou velice dobře rozpoznatelní díky dvěma neobvykle prodlouženým ostruhám na holeni zadní nohy (Grissell 1995).

2.10. Fylogeneze Toryminae v čase

Grissell (1995) provedl fylogenetickou analýzu pro 43 taxonů založenou na 24 morfologických znacích. Podčeleď Megastigminae (Hymenoptera: Torymidae) pokládá za sesterskou podčeleď Toryminae, o které je přesvědčen, že je monofyletická.

Pro Megastigminae uvádí jako symplesiomorfii tvar clypea „bilobed“ a zvětšenou stigmální žilku předního křídla. Jako jednoduché poznávací znaky podčeleď Toryminae uvádí postmarginální žilku často evidentně kratší než žilka marginální, stigmální žilku nezvětšenou, někdy širší než vysokou, ale ne tak vysokou jako je vysoké kostální pole. Nicméně, Gibson et al. (1999) nepovažují tyto znaky za dostatečnou podporu monofylie podčeleď Toryminae. Podčeleď Toryminae člení Grissell (1995) na 7 tribů (Chalcimerini, Microdontomerini, Monodontomerini, Palachiini, Podagrionini, Torymini a Torymoidini) a 7 rodů *incertae sedis* (*Cryptopristus*, *Echthrodape*, *Exopristus*, *Glyphomerus*, *Stenotorymus*, *Thaumatorymus* a *Zaglyptonotus*).



Obr. 9: Fylogenetická hypotéza podčeleď Toryminae podle Grissella (1995) založená na 24 morfologických znacích pro 43 taxonů

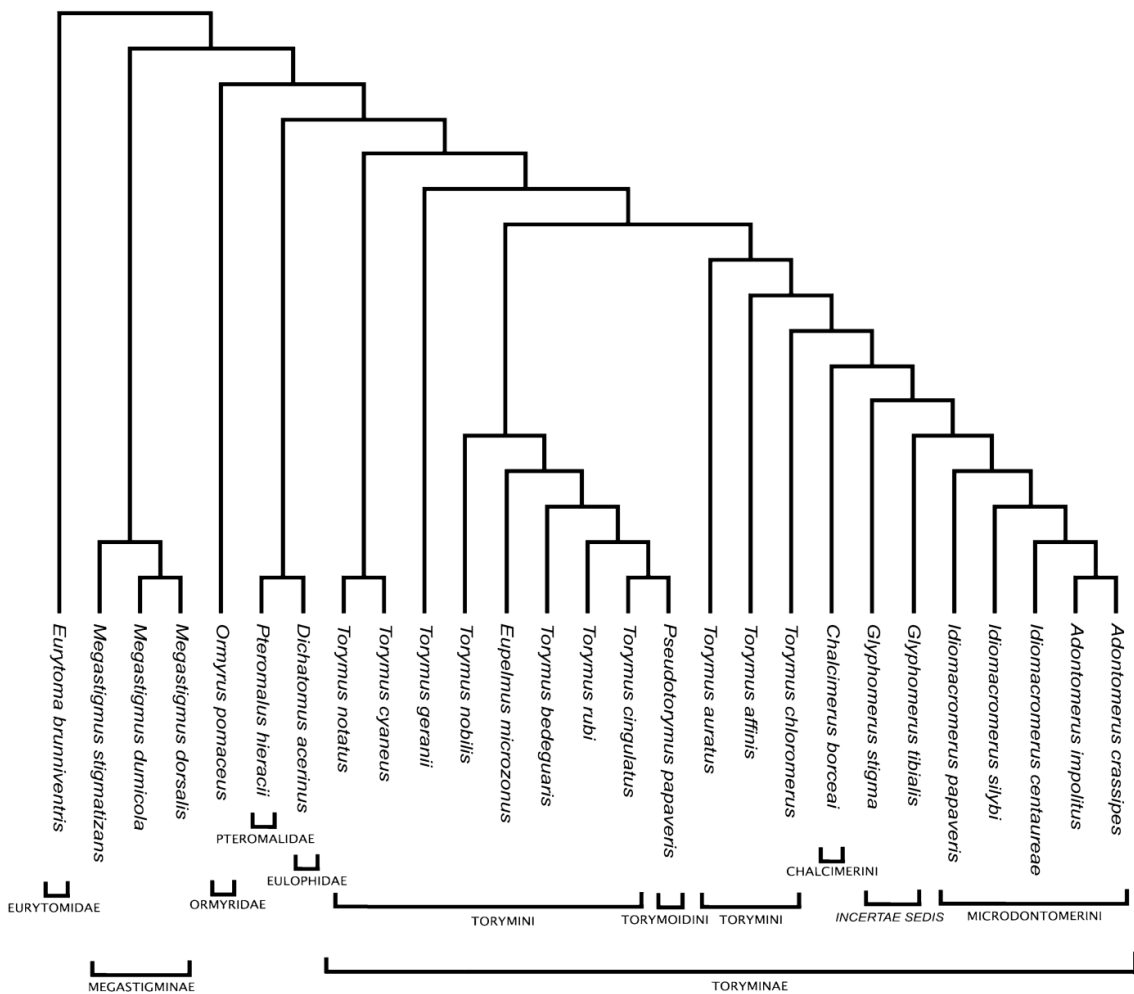
Grissell (1995) uvádí, že není schopen určit pozici tribu Torymini v podčeledi Toryminae. Chápe jej sice jako monofyletický, především díky existenci autapomorfie (výběžek na ventrální straně metapleuronu – viz kapitola 3.6., Obr. 6), ale kvůli rozmanitosti znaků uvnitř tohoto druhově bohatého tribu jej není schopen umístit do fylogenetického vztahu s ostatními triby. Proto provedl finální analýzu bez tohoto tribu a teprve po získání výsledného stromu se pokusil tribus Torymini umístit. Celkem jistě však předpokládá existenci kládu 24 Chalcimerini + Podagrionini (Obr. 9). Tribus Palachiini chápe jako monofyletický a sesterský kládu Chalcimerini + Podagrionini. Dalším monofylem je podle Grissella (1995) tribus Monodontomerini vycházející z nodu 14. Jednotčím znakem chápe okcipitální rýhu, v dorsální části plochou a blíže okcipitálnímu otvoru než zadním ocelli, téměř nebo zcela dosahující hypostomální rýhy v jejím nejširším místě. Tento znak nesdílí pouze rody *Rhynchodontomerus* a *Oopristus*. Rody *Stenotorymus* a *Thaumatorymus* jsou pak na topologii stromu umístěny do kládu 13 jako *incertae sedis*.

Klád 13, sjednocující tribus Monodontomerini s rody *Stenotorymus* a *Thaumatorymus*, a klád 30, sjednocující triby Chalcimerini, Palachiini a Podagrionini, mají hypotetického společného předka v nodu 12. Opět bez rozlišení vzájemných vztahů přiřazuje Grissell (1995) do kládu 11 rody *Exopristus* a *Cryptopristus* jako *incertae sedis* čímž, společně s kládem 12, vzniká jeden ze tří hlavních kládů podčeledi Toryminae. Nutno však podotknout, že ve své analýze chápe Grissell (1995) rod *Exopristus* jako sjednocený s rodem *Exopristoides*. Dalším ze tří monofyl podčeledi Toryminae je pak podle Grissella (1995) tribus Torymoidini založený na znacích uvedených v předešlém textu. Třetí klád podčeledi Toryminae podle Grissella (1995) tvoří tribus Microdontomerini, kterému jsem se také podrobněji věnoval výše. Zařazením rodů *Glyphomerus* a *Zaglyptonotus* si Grissell (1995) není vůbec jistý a zařazuje je do podčeledi Toryminae jako *incertae sedis*.

Jiný morfologický přístup k fylogenezi čeledi Torymidae zvolili Gómez et al. (2008). Ve své studii shromáždili morfologická data pro larvální instary chalcidek a pro finální fylogenetickou analýzu nastřádali soubor 42 znaků pro 27 taxonů. Výsledný fylogram rozhodně není nezajímavý (Obr. 10).

Jako monofyletická skupina se jeví tribus Microdontomerini zastoupený 5 zástupci z rodů *Adontomerus* a *Idiomacromerus*. Sesterským taxonem je *Glyphomerus tibialis*. Pozice tribu Chalcimerini, zastoupeného druhem *Chalcimerus borcaei*, se zdá býti

sesterská kládu obsahujícímu tribus Microdontomerini a rod *Glyphomerus*. Tribus Torymini zde jednoznačně vychází polyfyleticky a tribus Torymoidini, zastoupený druhem *Pseudotorymus papaveris*, je jeho vnitřní skupinou. Podle výsledků této analýzy pak Gómez et al. (2008) navrhují rozdělit obsáhlý rod *Torymus* do 4 skupin. Zpochybněna je i monofylie čeledi Torymidae, která by se sice měla dělit na sesterské



Obr. 10: Fylogram podle Gómeze et al. (2008) založený na morfologické analýze larválních instarů

podčeledi Toryminae a Megastigminae, nicméně předložená studie tomuto neodpovídá a autory je navíc připomenuta absence jasné synapomorfie pro tyto dvě podčeledi (Gómez et al. 2008).

Za zmínku určitě stojí fylogenetická analýza nadčeledi Chalcidoidea založená na jediném úseku genu 28S-D2 (Campbell et al. 2000). Autoři se zde pokusili zkonstruovat fylogenetickou hypotézu pro celou nadčeď. Co se týče čeledi

Torymidae, tak ta vyšla v analýze jasně polyfyleticky. Práce svojí sofistikovaností sice nemůže konkurovat recentním studiím, ale pro porovnání je určitě zajímavá.

Mnohem věrohodnější fylogenetickou hypotézu představili Munro et al. (2011). Založená je na úsecích genů pro 18S a 28S ribosomální rRNA. Osekvenovaný dataset rozdělili na šest úseků a podrobili ho analýze pomocí algoritmu RAxML. Genový alignment podrobili také testu na počet parsimonně informativních a neinformativních pozic. Parsimonně informativní pozice pak použili pro metodu rekonstrukce fylogeneze pomocí maximální parsimonie.

Protože ambicí práce bylo vytvořit věrohodnou fylogenetickou hypotézu pro celou nadčeleď Chalcidoidea, zahrnoval druhový sampling úctyhodných 649 jedinců z 343 rodů. Jako outgroup použili Munro et al. (2011) 56 druhů ze 6 nadčeledí, přičemž jako skupina sesterská nadčeledi Chalcidoidea v této analýze vyšel klád zahrnující Mymarommatoidea a část Diaprioidea. Chalcidoidea by tedy měla být v současném pojetí monofyletická. S ohledem na čeleď Torymidae výsledky nepodporují její monofylii. Podčeleď Megastigminae ani v této analýze netvoří klád společný s podčeledí Toryminae (Munro et al. 2011). Podpora monofylie obou podčeledí vyšla však velmi silná. Podpora monofylie 7 tribů stanovených Grissellem (1995) byla v molekulární analýze různě silná, nicméně v korunové části fylogramu podčeledi Toryminae se objevil dobře podpořený klád sjednocující zástupce tribu Microdontomerini a jemu sesterský klád se zástupci rodu *Glyphomerus*. Nesmíme však zapomenout, že analýza je opřena „pouze“ o dva geny a rekonstrukce příbuzenských vztahů, především u mladých divergencí, nemusí odpovídat skutečnosti.

Heraty et al. (2013) představil první studii fylogenetických vztahů nadčeledi Chalcidoidea opřenu nejen o molekulární, ale také o morfologické znaky. Sestaven byl rozsáhlý dataset 945 různých stavů znaků pro 233 znaků. Na souboru 300 taxonů bylo provedeno 66 645 pozorování (Heraty et al. 2013). Molekulární dataset byl převzat z předchozí práce (Munro et al. 2011) a podroben revizi a několika drobným úpravám (Heraty et al. 2013). Morfologická a molekulární data byla podrobena dvěma různými parsimonním analýzám a také pravděpodobnostním metodám s použitím algoritmů RAxML a MrBayes.

Při použití morfologických dat vždy došlo k podpoře sesterského vztahu Chalcidoidea a Mymarommatoidea (Gibson et al. 1999; Heraty et al. 2011; Sharkey et al. 2012). To potvrzuje i Heraty et al. (2013). Z kombinované analýzy Chalcidoidea

vychází jako jednoznačně monofyletická skupina. Čeleď Torymidae se pak jeví v morfologické i kombinované analýze jako monofylum, avšak podčeledi Toryminae a Megastigminae vycházejí v sesterském vztahu pouze v kombinované analýze. Mladší divergence uvnitř podčeledí Toryminae a Megastigminae už bohužel nejsou diskutovány (Heraty et al. 2013).

Nejnovější molekulární fylogenetickou analýzu čeledi Torymidae představuje Janšta (2014) v disertační práci „Fylogeneze parazitických vosiček čeledi Torymidae (Hymenoptera: Chalcidoidea) a evoluce jejich parazitických životních strategií“. Fylogenetickou analýzu založil na sekvenaci 5 genů (18S, 28S, EF1 α , COI a Wg) pro 226 taxonů z obou podčeledí a vzorku 10 taxonů považovaných za outgroup. Výsledný dataset byl použit pro analýzy metodami maximální parsimonie a pravděpodobnostními algoritmy RAxML a MrBayes.

Všechny analýzy shledaly čeleď Torymidae jako polyfyletický taxon. Podčeď Megastigminae utvořila monofylum s čeledí Ormyridae a tento klád se pak jevil jako sesterský podčeď Toryminae. Nicméně, podčeď Toryminae vycházela monofyleticky ve všech analýzách.

Ve vnitřních vztazích podčeledi Toryminae se pak objevil monofyletický klád spojující rody *Thaumatorymus* + (*Chalcimerus* + *Exopristoides*), který je sesterský všem ostatním rodům podčeledi Toryminae. Dále se na fylogramu utvořily dva sesterské klády, z nichž jeden, velmi dobře podpořený, navrhuje Janšta (2014) označit jako nový tribus Boucekini s rody *Platykula*, *Boucekinus* a jedním nepopsaným rodem z Chile, ačkoli je to na úkor jinak parafyletického tribu Torymoidini. Druhý klád, sesterský tribu Boucekini, pak sdružuje triby Torymini a zbytek Torymoidini. Rod *Pseudotorymus* se jeví jako parafylum, navíc obsahující rod *Torymoides*. U rodu *Torymus* při jeho druhové bohatosti nepřekvapí, že je v rámci tribu Torymini polyfyletický.

V apikální části fylogramu vznikl klád sdružující triby Podagrionini + Palachiini a jim sesterský monofyletický tribus Monodontomerini + *Zaglyptonotus* + *Chileana*. Monofylie tribu Monodontomerini (sensu Janšta 2014) je velmi dobře podpořená, stejně jako klád (Podagrionini + Palachiini).

S nepřesvědčivou podporou vyšel klád dávající do sesterského vztahu část rodu *Glyphomerus* (tři zástupci druhu *stigma*) s kládem obsahujícím parafyletický tribus Microdontomerini (sensu Grissell 1995), obsahujícím navíc rody *Cryptopristus*,

Exopristus a druhou část rodu *Glyphomerus* (druhy *tibialis* a *aylax*). Rod *Echthrodape* se na fylogramu umístil jako sesterská skupina tribu Microdontomerini. Podpora kládu označeného Janštou (2014) jako Glyphomerini je velmi přesvědčivá a stejně je tomu tak pro sesterský klád *Echthrodape* + parafyletické Microdontomerini.

Janšta (2014) tedy ve své analýze zařadil většinu rodů označených Grissellem (1995) jako *incertae sedis*. Rod *Zaglyptonotus* zařadil mezi Monodontomerini, polyfylum *Glyphomerus* rozdělil do vlastního tribu a do tribu Microdontomerini, rody *Exopristus*, *Cryptopristus* a *Echthrodape* přiřadil k tribu Microdontomerini a rod *Thaumatorymus* společně s rodem *Exopristoides* přiřadil tribu Chalcimerini. Zde bych připomněl, že Grissell (1995) ve své analýze rody *Exopristus* a *Exopristoides* sjednotil.

Pro fylogenezi tribu Microdontomerini lze z molekulární analýzy Janšty (2014) vyčíst následující. Monofyla v apikální části stromu tvoří velmi dobře podpořený klád (*Eridontomerus* + *Ditropinotus*) a jemu pravděpodobně sesterský klád (*Pseuderimerus* + *Erimerus*) + (*Adontomerus*). Nepříliš dobře podpořeným kládem, sesterským ke kládu (*Eridontomerus* + *Ditropinotus*) + ((*Pseuderimerus* + *Erimerus*) + (*Adontomerus*)), se jeví klád (dobře podpořený monofyletický *Idiomacromerus*) + ((monofyletický *Cryptopristus*) + (monofyletický *Idarnotorymus*)).

Na bázi parafyletických Microdontomerini (sensu Grissell 1995) se odděluje klád (*Microdontomerus*) + (část *Glyphomerus*). Podpora pro tento klád není silná, ale samostatné klády (*Microdontomerus*) a (část *Glyphomerus*) jsou podpořeny velmi dobře. Parafyletickým Microdontomerini (sensu Grissell 1995) je pak s dobrou podporou sesterský rod *Exopristus*. Báze celého kládu, Janštou (2014) označovaném jako Microdontomerini pak vypadá následovně (*Echthrodape*) + ((*Exopristus*) + (zbytek Microdontomerini (sensu Janšta 2014)). Podle Janšty (2014) tedy tribus Microdontomerini (sensu Janšta 2014) obsahuje rody *Adontomerus*, *Cryptopristus*, *Ditropinotus*, *Echthrodape*, *Eridontomerus*, *Erimerus*, *Exopristus*, *Idarnotorymus*, *Idiomacromerus*, *Microdontomerus*, *Pseuderimerus*, a část rodu *Glyphomerus*. Oproti Grissellově (1995) popisu tribu Microdontomerini tedy přibyly rody *Cryptopristus*, *Echthrodape*, *Exopristus*, a část rodu *Glyphomerus*. Paleontologický rod *Zophodetus* a diskutabilní rod *Ophiopinotus* nemohly být do analýzy Janšty (2014) ze zjevných důvodů zahrnuty.

Janšta (2014) ve své práci prezentuje také výsledky mapování evoluce životních strategií a biogeografie na výsledný fylogram. Oproti Grissellovi (1995), který předpokládá fytofagii jako plesiomorfni stav pro podčeleď Megastigminae, Janšta

(2014) poukazuje na to, že linie podčeledi Megastigminae oddělující se ve starších divergencích jsou ektoparazitoidi hálkotvorného hmyzu. Tedy, z podčeledi Megastigminae je fytofágní pouze rod *Megastigmus*. Fytofagie vznikla v rámci nadčeledi Chalcidoidea nejméně desetkrát, ale rozhodně není považována za plesiomorfni stav nadčeledi (Heraty et al. 2013). Plesiomorfni strategií pro podčeleď Toryminae by měl být ektoparazitismus, stejně tak pro triby Boucekini, Chalcimerini, Glyphomerini, Microdontomerini a Torymoidini. Pro tribus Podagrionini by mohl být původním stavem endoparazitismus vajíček. Pro ostatní triby nejsou v tomto ohledu dosavadní výsledky průkazné (Janšta 2014.).

Původní rozšíření podčeledi Toryminae se předpokládá v palearktické oblasti (Grissell 1995, Janšta 2014.). Stejně tak pro všechny triby podčeledi s výjimkou tribů Boucekini (neotropická oblast) a Palachiini (orientální oblast). Nicméně, biogeografická analýza je v tomto ohledu nejistá (Janšta 2014.). Vcelku zajímavým poznatkem je rozšíření rodu *Torymus*, jehož jedna fylogenetická část je původem palearktická, ale druhá část nikoli a pravděpodobně se bude ve výsledku jednat o dva odlišné rody (Janšta 2014.).

3. Cíle práce

- **Vytvořit robustní fylogenetickou hypotézu tribu Microdontomerini na základě molekulárních znaků**
- **Porovnat fylogenetickou hypotézu založenou na molekulárních znacích s hypotézou založenou na morfologických znacích**
- **Sledovat evoluci morfologických znaků u zástupců tribu Microdonomerini**

4. Materiál a metodika

4.1. Materiál

Materiál byl získán ze sbírky mého školitele Mgr. Petra Janšty, Ph.D., z Canadian National Collection of Insects, Ottawa, Canada (CNCI) a z Centre de Biologie et de Gestion des Populations, Montferriersur Lez, France (CBGP) – Gerard Delvare a Jean-Yves Rasplus, jak je uvedeno v souhrnné tabulce dostupné na webové adrese GoogleDrive: <https://drive.google.com/folderview?id=0B45NiOaChIjyZIJSSDdfdFhNcWc&usp=sharing> ; a v elektronické příloze této práce. Část této tabulky je také v tištěných přílohách této práce (10.5. Tabulka vzorků použitých v analýzách).

4.2. Izolace

Materiál určený pro izolaci DNA, skladovaný v lihu, se před izolací řádně osušil. Jedincům byly odděleny zadní končetiny po jedné straně tak, aby se co nejméně poškodily. U menších jedinců bylo potřeba oddělit i zadeček, aby se DNA lépe izolovala z buněk vnitřních tkání. Izolace DNA z takto připraveného materiálu byla provedena pomocí DNeasy Blood&Tissue Kit od firmy QIAGEN a podle přiloženého protokolu „Purification of Total DNA from Animal Tissues (Spin-Column Protocol)“. Inkubace podle bodu 2 probíhala vždy přes noc s půlminutovým protřepáním hodinu po začátku inkubace a hodinu před ukončením inkubace. V bodě 7 protokolu se místo 200µl používalo 150µl pufru AE.

4.3. PCR a získávání vybraných genových úseků

Jednotlivé genové úseky se z DNA amplifikovaly pomocí PCR (Polymerase Chain Reaction – Polymerázová řetězová reakce).

Reakce probíhaly v termocyklerech C1000TM Thermal Cycler (Bio-Rad Laboratories) v Laboratoři oddělení Entomologie a iCyclerTM Thermal Cycler (Bio-Rad Laboratories) v Laboratoři pro výzkum biodiverzity, obojí při Katedře zoologie Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy v Praze.

K namíchání reakce se používala sada PPPMasterMix od firmy TOP-Bio. Celkový objem reakce byl vždy 25µl. V závislosti na kvalitě DNA izolátu pak bylo občas třeba v reakční směsi měnit poměr objemů DNA izolátu a ddH₂O.

Celkový objem reakce 25µl	PPPMasterMix bez přidaného MgCl ₂	MgCl ₂	Primer F	Primer R	ddH ₂ O	DNA izolát
Množství (µl)	12,5	2,5	1	1	5-6	2-3

Pro analýzu bylo k amplifikaci vybráno následujících devět genových úseků:

- 18S rDNA v úseku 18Sb (a)
- 28S rDNA v úsecích 28Sa (b) a 28Sb (c)
- Eukaryotický elongační faktor v úseku EF1 α (d)
- Cytochrom oxidáza I (COI) v úsecích LCO-HCO (e), UEA3-UEA8 a JERRY-PAT (f)
- Cytochrom B (CytB) v úsecích CP1-CB2 (h) případně v kratším CB1-CB2
- Wingless v úseku Wg1a-LepWg2 (g)

Kvůli malé úspěšnosti při amplifikaci s primerem TL2N-3014_Pat se nakonec gen pro COI ve valné většině amplifikoval pouze v úsecích LCO-HCO a JERRY-UEA8 (f*) a genových úseků tak bylo použito pouze osm nepřekrývajících se.

Orientační mapa genových úseků (Cruaud 2009) k nahlédnutí v přílohách (10.2. Mapa genových úseků).

4.4. Použité primery

Název Primeru (směr čtení)	Designováno	Sekvence primeru v orientaci 5' - 3'	Název genu a jeho přibližná délka
18Sb-441F (Forward)	(Heraty et al. 2004)	5' – AAA TTA CCC ACT CCC GGC A – 3'	18Sb (800bp)
18Sb-1299R (Reverse)	(Heraty et al. 2004)	5' – TGG TGA GGT TTC CCG TGT T – 3'	18Sb (800bp)
28D2F (Forward)	Hawks, UCR, pers. comm.	5' – CGG GTT GCT TGA GAG TGC AGC – 3'	28Sa (600bp)
28SD2RA (Reverse)	Hawks, UCR, pers. comm.	5' – CTC CTT GGT CCG TGT TTC – 3'	28Sa (600bp)
28D3Fa (Forward)	(Moreira et al. 2007)	5' – TTG AAA CAC GGA CCA AGG AG – 3'	28Sb (540bp)
28D5Ra (Reverse)	Hawks, UCR, pers. comm.	5' – CGC CAG TTC TGC TTA CCA – 3'	28Sb (540bp)
F2-557F (Forward)	(Schultz & Brady 2008)	5' – GAA CGT GAA CGT GGT TAT YAC – 3'	EF1 α (550bp)
F2-1118R (Reverse)	(Schultz & Brady 2008)	5' – TTA CCT GAA GGG GAA GAC GRA – 3'	EF1 α (550bp)
LCO1490 (Forward)	(Folmer et al. 1994)	5' – GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA – 3'	COI _{LCOHCO} (630bp)
HCO2198 (Reverse)	(Folmer et al. 1994)	5' – TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA – 3'	COI _{LCOHCO} (630bp)
C1J-2183_Jerry (Forward)	(Simon et al. 1994)	5' – CAA CAT TTA TTT TGA TTT TTT GG – 3'	COI _{JEPAT} (800bp)
TL2N-3014_Pat (Reverse)	(Simon et al. 1994)	5' – TCC ATT GCA CTT ATT CTG CCA T – 3'	COI _{JEPAT} (800bp)
uea3 (Forward)	(Lunt et al. 1996)	5' – TAT AGC ATT CCC ACG AAT AAA – 3'	COI _{UEA38} (900bp)
uea8 (Reverse)	(Lunt et al. 1996)	5' – AAA AAT GTT GAG GGA AAA ATG – 3'	COI _{UEA38} (900bp)
CytB1F – CP1 (Forward)	(Harry et al. 1998)	5' – GAT GAT GAA ATT TTG GAT C – 3'	CytB _{CP1CB2} (750bp)
CytBF – CB1 (Forward)	(Simon et al. 1994)	5' – TAT GTA CTA CCA TGA GGA CAA ATA TC – 3'	CytB _{CB1CB2} (450bp)

CytB1R – CB2 (Reverse)	(Morath 2007)	5' – ATT ACA CCT CCT AAT TTA TTA G – 3'	CytB (cca. 750bp)
Wg1a (Forward)	(Cole 2009)	5' – GAR TGY AAR TGY CAY GGY ATG – 3'	Wingless (cca. 450bp)
LepWg2 (Reverse)	(Cole 2009)	5' – ACT NCG CRC ACC ART GGA ATG – 3'	Wingless (cca. 450bp)

4.5. Nastavení termocyklu pro použité kombinace primerů

Následuje přehled programových nastavení termocyklu pro jednotlivé kombinace použitých primerů. Kombinace primerů jsou vždy zařazeny k příslušnému genovému úseku.

4.5.1. Nastavení termocyklu pro amplifikaci 18S rDNA

- Primery: 18Sb-441F / 18Sb-1299R

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace		92°C	0:30
Nasedání primeru (annealing)	35x	52°C	0:45
Elongace úseků		72°C	1:00
Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

4.5.2. Nastavení termocyklu pro amplifikaci 28S rDNA

- Primery: 28D2F / 28SD2RA

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace		92°C	0:30
Nasedání primeru (annealing)	30x	57°C	0:35
Elongace úseků		72°C	1:00
Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

- Primery: 28D3Fa / 28D5Ra

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace		92°C	0:30
Nasedání primeru (annealing)	30x	57°C	0:35
Elongace úseků		72°C	1:00
Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

4.5.3. Nastavení termocyklu pro amplifikaci EF1α

- Primery: F2-557F / F2-1118R

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace	35x	94°C	0:30

Nasedání primeru (annealing)		58°C	1:00
Elongace úseků		72°C	1:00
Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

4.5.4. Nastavení termocyklieru pro amplifikaci Cytochrom oxidázy I

- Primery: LCO1490 / HCO2198

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace		92°C	0:30
Nasedání primeru (annealing)	35x	45°C	1:30
Elongace úseků		72°C	2:00
Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

- Primery: UEA3 / UEA8

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace		92°C	0:30
Nasedání primeru (annealing)	30x	48°C	1:30
Elongace úseků		72°C	2:30
Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

- Primery: C1J-2183_Jerry / TL2N-3014_Pat nebo C1J-2183_Jerry / UEA8

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace		92°C	0:30
Nasedání primeru (annealing)	40x	48°C	1:00
Elongace úseků		72°C	1:30
Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

4.5.5. Nastavení termocyklieru pro amplifikaci Cytochromu B

- Primery: CytB1F – CP1 / CytB1R – CB2

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace		92°C	0:30
Nasedání primeru (annealing)	40x	48(46)°C	1:00(1:30)
Elongace úseků		72°C	1:30
Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

- Primery : CytBF – CB1 / CytB1R – CB2

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace		94°C	1:00
Nasedání primeru (annealing)	40x	50°C	1:00
Elongace úseků		72°C	1:30

Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

4.5.6. Nastavení termocyklieru pro amplifikaci Wingless

- Primery: Wg1a / LepWg2

Fáze	Počet opakování	Teplota	Doba trvání (min:s)
Počáteční denaturace	1x	94°C	3:00
Denaturace		92°C	0:45
Nasedání primeru (annealing)	40x	57°C	1:00
Elongace úseků		72°C	1:00
Dosyntetizování úseků	1x	72°C	10:00
Zchlazení	1x	12°C	∞

4.6. Elektroforéza amplifikovaných úseků

Po skončení PCR reakce a ještě před purifikací PCR produktu je nutné ověřit, zda reakce PCR úspěšně proběhla a zda nám poskytla požadované amplifikované genové úseky správné délky. Z celkového objemu PCR produktu se proto použily 4 μ l pro jednosměrnou elektroforézu na 1% agarovém gelu s přidaným ethidium bromidem (1-1,5 μ l). Pro zjištění délky amplifikovaných úseků je třeba nanést na gel také standard. Proces běžel při 400mA a zhruba 90V přibližně 40 minut.

4.7. Purifikace PCR produktu

Pokud PCR produkt obsahuje žádoucí amplifikované genové úseky v dostatečné míře, je třeba jej oprostít od zbylých nukleotidů, primerů, pufrů, solí, barviv a polymeráz. K tomu se používal PCRExtract Mini Kit s přiloženým protokolem „Purifying DNA from PCR samples using the PCRExtract Mini Kit“. Oproti protokolu se však v bodě 6 používalo pouze 500 μ l pufru PW a v bodě 11 se výsledný purifikát stácel pouze do 30 μ l pufru PEB, aby bylo dosaženo vyšší koncentrace purifikovaného produktu.

4.8. Purifikace PCR produktu z gelu

Pokud se při elektroforéze rozdělí vzorek do několika proužků ale amplifikát požadované délky je dostatečně densní, pak se může provést purifikace vzorku rozděleného na agarovém gelu elektroforézou. Byl umíchán 2% agarový gel a elektroforéza se nechala fungovat až do dostatečného rozdělení proužků. Poté se opáleným, ale dostatečně vychladlým skalpelem vyříznul z gelu požadovaný proužek a

dále se postupovalo podle protokolu „Gel Extraction (For Sequencing) Protocol“ přiloženého k Gel/PCR DNA Fragments Extraction Kit od firmy Geneaid.

4.9. Příprava sekvenační reakce

Pro správné namíchání sekvenační reakce se nejprve pomocí NanoDrop[®]ND-100 zjistí koncentrace DNA v purifikovaném PCR produktu (c). Z této koncentrace a délky amplifikovaného genového úseku odečtené z elektroforézy (d) byl pak pomocí vztahu

$$\frac{d}{10 \times c} = V$$

odvozen objem purifikovaného PCR produktu potřebného pro sekvenační reakci (V).

Samotná sekvenační reakce byla míchána do objemu 8 μ l. Bylo vždy potřeba umíchat zvlášť reakci pro oba směry čtení a vždy pouze s příslušným primerem. Připravená směs pak tedy obsahovala primer, vypočítaný objem purifikovaného PCR produktu a ddH₂O pro doplnění objemu 8 μ l.

Množství přidaného primeru bylo původně stanoveno na 0,32 μ l, avšak několikrát jsem jej byl nucen kvůli neuspokojivým chromatogramům a po konzultaci s pracovníky sekvenační laboratoře přizpůsobit. Namíchané sekvenační reakce byly předány sekvenační laboratoři.

4.10. Zpracovávání chromatogramů a tvorba alignmentů

Chromatogramy přijaté v elektronickém formátu byly upraveny v programu Geneious[™]R7.1. Úpravy spočívaly především ve spojení obou směrů čtení sekvencí, opravení a sjednocení přečtených nukleotidů a odstranění úseků přesahujících sekvenci primeru včetně samotné sekvence primeru. Takto upravené sekvence se pak pomocí algoritmu CUSTALW, obsaženém v programu Geneious[™], spojily do genových alignmentů. Alignmenty byly následně zkontrolovány a upraveny tak, aby odpovídaly společnému otevřenému čtecímu rámci a obsahovaly co možná nejméně artefaktů. Všechny genové alignmenty se pak spojily do jednoho genového konkatenátu.

4.11. Tvorba fylogenetických stromů pomocí RAxML

Konkatenát genových alignmentů je třeba zbavit artefaktů v podobě kontaminací či příliš diverzních sekvencí osekvenovaných genových úseků. Na serverech služby CIPRES Science Gateway (Miller et al. 2010) se za použití metody „Maximum likelihood“ pomocí implementovaného algoritmu RAxML (Randomized Accelerated Maximum Likelihood) (Stamatakis 2014) při aproximačním modelu GTRCAT a při počtu opakování 1000, tzv. „bootstrap iterations“, vytvořily fylogenetické stromy vycházející z alignmentů jednotlivých genů ale i genového konkatenátu.

Na základě porovnání topologií a délek větví těchto stromů se označily genové sekvence a organismy, které bylo potřeba pro další analýzy z datasetu odstranit. Tímto způsobem se bylo možné vyrovnat s výpočetním artefaktem přitahování dlouhých větví a vytvořit věrohodný dataset pro finální výpočet fylogenetického stromu pomocí algoritmu RAxML.

Finální analýza proběhla při aproximačním modelu GTRCAT a 1000 opakováních v několika nezávislých bězích s různými „seed value“ a „seed value for parsimony inferences“. Hodnoty „bootstrap percentage“ neboli bootstrapů (BP) $BP \geq 95$ byly považovány za velmi vysokou podporu, hodnoty $BP \leq 70$ za slabou podporu a hodnoty $BP \leq 50$ za žádnou podporu (Cruaud et al. 2011).

4.12. Substituční modely pro pozice v genovém alignmentu

Z alignmentového datasetu lze pomocí programu jModeltest 2.1.5 (Darriba et al. 2012) zjistit, podle jakého modelu nejpravděpodobněji probíhaly substituce nukleotidů v daném genovém úseku a na daných pozicích otevřeného čtecího rámce. Pro každý genový alignment byl takto zjištěn substituční model. Genové alignmenty pro rRNA, které neprochází translací, byly testu podrobeny vcelku bez zjišťování substitučních modelů pro jednotlivé pozice v otevřeném čtecím rámci. Pro genové alignmenty kódující proteiny však bylo třeba zjistit substituční modely pro každou ze tří pozic otevřeného čtecího rámce. Nejlepší model byl pak vybrán pomocí výpočtu Akaikeho (AIC) i bayesiánského (BIC) informačního kritéria.

Vybrané substituční modely pak byly použity při tvorbě zadávacího protokolu pro algoritmus MrBayes.

4.13. Tvorba fylogenetických stromů pomocí algoritmu MrBayes

Pro výpočet fylogenetického stromu byl kromě algoritmu RAxML použit také algoritmus MrBayes (Ronquist et al. 2012) taktéž implementovaný ve službě CIPRES Science Gateway.

Pro tuto analýzu je třeba vytvořit zadávací protokol s vloženým datasetem a potřebnými specifikacemi. V protokolu byly nastaveny různé evoluční modely pro jednotlivé geny a pozice otevřeného čtecího rámce vycházející ze substituční analýzy programu jModeltest 2.1.5. a vybrané na základě Aikaikeho informačního kritéria.

Analýza proběhla ve 3 bězích. V každém běhu bylo vypočítáno 10 000 000 generací ve 4 řetězcích (3 „heat“, 1 „cold“). Zaznamenána byla každá 1 000. topologie, celkem tedy v každém běhu bylo zaznamenáno 10 000 topologií. V „desktopové“ verzi programu MrBayes v3.2.1 bylo následně odstraněno prvních 25% zaznamenaných stromů a ze zbylých 75% se vytvořil výsledný strom. Posteriorní pravděpodobnosti (PP) nodů ve stromu $PP \geq 0,95$ byly považovány za silnou podporu a $PP \leq 0,90$ byly považovány za nízkou podporu (Farache et al. 2013).

4.14. Vytvoření výsledného fylogenetického stromu

Dataset pro finální analýzu pomocí algoritmu RAxML a finální vstupní protokol pro MrBayes jsou dostupné na následující webové adrese úložiště GoogleDrive, tedy zde: <https://drive.google.com/folderview?id=0B45NiOaChIjyZIJSSDdfdFhNcWc&usp=sharing> ; a v elektronické příloze této práce.

Pro výsledný fylogenetický strom byla vybrána nejlépe podpořená topologie vypočítaná programem MrBayes K jednotlivým nodům pak byly přidány hodnoty bootstrapů (BP) z analýzy RAxML. V nodech, kde si topologie stromů z bayesiánské a maximum-likelihood analýzy neodpovídaly, se uvedly pouze hodnoty posteriorní pravděpodobnosti a místo hodnoty bootstrapu (BP) byla uvedena hvězdička (*).

Označení taxonů ve výsledném stromu má následující logiku. První část názvu označuje konkrétní izolát, následuje zkratka určující příslušnost k čeledi a podčeledi, případně i tribu (např.: TOTN – Torymidae/Toryminae/Monodontomerini) a pak už přichází určení konkrétního izolátu do rodu případně i druhu. Název pak bývá ještě doplněn lokalitou nálezů a na závěr pak seznamem genových úseků osekvenovaných z daného izolátu.

4.15. Fotografická dokumentace morfolozických znaků

Pro obrazovou dokumentaci morfolozických znaků bylo vybráno 53 jedinců. Morfolozické znaky byly zaznamenány pomocí elektronového skenovacího mikroskopu S-3700N Ultra Large VP-SEM od firmy Hitachi (dále jen SEM). Výhodou byla především možnost fotit vzorky bez předchozího pokovení a ty se tak zbytečně nepoškodily.

4.16. Deskripce morfolozických a biologických znaků

K deskripci morfolozických znaků byly použity fotografie získané pomocí elektronového (SEM). Znaky, které nebyly na fotografiích rozlišitelné nebo nebyly zaznamenány, se dodatečně vyhodnotily pomocí binokulární lupy. Z biologických znaků bylo hodnoceno rozšíření a hostitel, přičemž údaje o rozšíření byly podle místa nálezů extrapolovány na celý biogeografický areál a informace o hostiteli byly získány z internetového zdroje: „Universal Chalcidoidea Database“ (Noyes 2014). V tabulce (Tabulka 1) uvedených 35 znaků bylo hodnoceno do několika různých stavů pro 33 jedinců. Některé znaky byly převzaty z literatury (Grissell 1995; Lotfalizadeh et al. 2007) a jejich hodnocení případně upraveno. Znaky byly hodnoceny na jedincích samičího pohlaví. Pouze jedinec druhu *Eridontomerus fulviventris* byl samec. Obrazová znázornění k jednotlivým morfolozickým znakům jsou součástí přílohy (10.1. *Morfolozické znaky*).

• Tabulka 1: Deskripce stavů morfolozických znaků

Číslo zn.	Název znaku	Stavy znaku
1.	Tvar apexu clypea (ApCly) (Převzato z Grissell 1995)	„Bilobed“ – ApCly s výraznou mediální vchlípeninou a výraznými oblými kraji vchlípeniny (0), „Emarginated“ – ApCly s drobnou mediální vchlípeninou a okraji nepatrnými (1), „Straight“ – ApCly rovný, ve stejné rovině s ventrální hranou hlavy (2), „Convex“ – ApCly konvexně vychlípený pod ventrální hranu hlavy (3), „Concave“ – ApCly konkávně prohnutý (4), „Toothed“ – na ApCly se vychlípují „zoubky“ (5)
2.	Pozice tykadlových „torulí“ (otvory pro tykadla) (Převzato z Lotfalizadeh et al. 2007)	Tykadlové „torulí“ situovány na polovině nebo v horní polovině „obličej“ (0), tykadlové „torulí“ situovány na spodní polovině „obličej“ (1)

3.	Vzájemná vzdálenost clypeálních tentoriálních jamek (ClyTent) ku jejich vzdálenosti od ventrální hrany clypea	Vzdálenost ClyTent je maximálně 1,5x delší než jejich vzdálenost od ventrální hrany clypea (0), vzdálenost ClyTent je více než 2x delší než jejich vzdálenost od ventrální hrany clypea (1)
4.	Tvar první flagellomery (anellus) na samičím tykadle	Anellus čtvercový nebo delší než široký (0), anellus širší než dlouhý (1)
5.	Počet anelli na samičím tykadle (Převzato z Grissell 1995)	Anellus je flagellomera bez „Multiporous sensila“ (MPS) MPS jsou laterálně otevřené a dobře rozpoznatelné sensily: Jeden (0), dva (1), tři a více(2)
6.	Tvar prvního funikulárního článku (F1) samičího tykadla	Funikulární články jsou flagellomery nesoucí MPS: F1 je dvakrát delší než pedicel tykadla (0), F1 je méně než 1,5x delší než pedicel tykadla (1)
7.	Počet řad MPS na druhém funikulárním článku (F2) bičiku samičího tykadla	Více než dvě řady (0), dvě řady (1), jedna řada (2)
8.	„Micropilosity area“ na paličce tykadla (Převzato z Grissell 1995)	Žádná oblast „micropilosity area“ na paličce tykadla (0), malé oblasti „micropilosity area“ alespoň na druhém a třetím paličkovém segmentu (1), rozsáhlá oblast „micropilosity area“ na celé spodní části paličky tykadla (2)
9.	Okcipitální rýha (Převzato z Grissell 1995)	Přítomna, ventrálně vybihá na úroveň postgenálního můstku (0), přítomna, ventrálně vybihá do úrovně hypostomálního otvoru (1), přítomna, většinou špatně patrná, nevybihá pod úroveň okcipitálního otvoru (2), nepřítomna, nebo nepatrná nad okcipitálním otvorem (3), přítomna, napojující se na hypostomální rýhu v její nejširší části, dorsální část rýhy plochá a blíže okcipitálnímu otvoru než zadním ocelli (4), přítomna, napojující se na hypostomální rýhu nad úrovní mandibul, dorsální část rýhy vypouklá blíže k zadním ocelli než k okcipitálnímu otvoru (5)
10.	Tvar spodních posteriorních tentoriálních (posttentoriálních) jamek	Jamky pouze štěrbinovité, nedotýkají se horních posttentoriálních jamek (0), jamky ve tvaru sulků, které vybihají pouze ke spodní části okcipitálního otvoru a nedotýkají se horních posttentoriálních jamek (1), jamky ve tvaru sulků, které vybihají kolem okcipitálního otvoru a téměř nebo zcela se dotýkají horních posttentoriálních jamek (2)
11.	Vzájemná pozice sulků spodních posttentoriálních jamek	Sulky pouze štěrbinovité nebo zcela chybí (0), sulky zcela nebo téměř rovnoběžné (1), sulky se k sobě vespod sbíhají (2)
12.	Rovina postgenálního můstku	Spodní část postgenálního můstku je ve stejné rovině s horní částí postgenálního můstku (0), spodní část postgenálního můstku není ve stejné rovině s horní částí postgenálního můstku (1)
13.	Šířka spodní vůči vrchní části postgenálního můstku	Spodní část postgenálního můstku stejně široká nebo širší než horní část postgenálního můstku (0), spodní část postgenálního můstku úzká, užší než horní část postgenálního můstku (1)
14.	Tvar hypostomálních rýh	Hypostomální rýhy vedou po celém obvodu hypostomálního můstku a spojují se, nebo jsou nanejvýš rozděleny úzkým proužkem postgenálního můstku (0), hypostomální rýhy vedou

		paralelně a končí na úrovni spodního okraje sulků spodních posttentoriálních jamek (1), hypostomální rýhy se v horní třetině hypostomálního můstku vytrácí (2)
15.	Střední proužek postgenálního můstku	Proužek je úzký a pokrývá pouze malou plochu horní části postgenálního můstku (0), proužek je široký a pokrývá nejméně 1/3 plochy horní části postgenálního můstku (1), proužek úzký a vnořený do rýhy vzniklé v horní části postgenálního můstku (2)
16.	Přítomnost notauli (Převzato z Grissell 1995)	Notauli přítomny a kompletní (0), notauli nepřítomny nebo nekompletní (1)
17.	Rozlišitelnost frena na scutellu (Převzato z Grissell 1995)	Frenum jasně rozlišitelné díky rýze nebo dobře rozpoznatelné linii (0), frenum rozlišitelné díky jiné kutikulární skulptuře (1), scutellum bez rozlišitelného frena (2)
18.	Skulptura dorsální části mesonota	Mesonotum lesklé, s jemnou skulpturou a s relativně málo sětami (0), mesonotum matné, hrubě skulpturované s mnoha sětami (1)
19.	Skulptura propodea	Propodeum zvrásněné, s nepravidelnými antero-posteriorními lištami po celém povrchu (0), propodeum zvrásněné, s několika málo nepravidelnými antero-posteriorními lištami uprostřed (1), propodeum hladké, nanejvýš s jemnou skulpturou (2), propodeum zvrásněné skulpturou po celém povrchu stejně (3), propodeum se dvěma (někdy více) subparalelními lištami uprostřed, laterální části se skulpturou a prostřední část mezi lištami hladká (4), propodeum typu Podagrionini (dlouhé, po celém povrchu zvrásněné a s lištou ve tvaru převráceného Y)(5), propodeum zvrásněné po celém povrchu a s jednou antero-posteriorní lištou uprostřed (6), propodeum s jednou neúplnou středovou lištou v anteriorní části sahající zhruba do poloviny délky propodea, laterální části zvrásněné, střed okolo lišty hladký (7)
20.	Architektura metasterna (Převzato z Grissell 1995)	Tento znak sleduje vzájemné postavení, tvary a relativní velikosti propodeálního otvoru a kyčelních otvorů zadní nohy. Také sleduje postavení metapleuronu vůči kyčli střední a zadní nohy (Grissell 1995, příloha této práce). Stav Neopal a Palachia jsou sjednoceny pod stav Crypto, stav Micropod je součástí stavu Podag. Crypto (0), Mono (1), Podag (2), Chalci (3)
21.	Tvar prosterna	Pětiúhlé (0), čtyřúhlé - kosočtverečné (1)
22.	Úhel svírající stigmální žilka (SŽ) s žilkou postmarginální (PŽ) na předním křídle (Převzato z Lotfalizadeh et al. 2007)	SŽ a PŽ spolu svírají úhel 35°-50° (0), SŽ a PŽ spolu svírají úhel méně než 30° (1)
23.	Poměr délek marginální žilky (MŽ) vůči žilce postmarginální (PŽ) (Převzato z Grissell 1995)	MŽ nanejvýš stejně dlouhá (0), MŽ 1x-2x delší (1) MŽ 2x-3x delší (2), MŽ více než 3x delší (3)
24.	Poměr délek stigmální žilky (SŽ) vůči žilce postmarginální (PŽ)	Délka SŽ maximálně polovina délky PŽ (0), délka SŽ více než polovina délky PŽ (1)

25.	Počet unkálních sensil na unku stigmální žilky	Tři (0), čtyři (1), pět (2)
26.	Výběžek na vnější straně kyčle („coxa“) zadní nohy tzv. „processus“	Veliký, listovitého tvaru (0), malý, nepatrný (1)
27.	Počet ostruh na apexu holeně („tibia“) zadní nohy (Převzato z Grissell 1995)	Jedna ostruha (0), dvě ostruhy (1)
28.	Tvar apexu holeně („tibia“) zadní nohy (Převzato z Grissell 1995)	Rovný - „trun“ (0), vybíhající - „subpoint“ (1)
29.	Tvar stehna („femur“) zadní nohy (Převzato z Grissell 1995)	Jednoduchý - „simple“ (0), ztloustlý - „swollen“ (1), vroubkovaný - „serrate“ (2), s jedním zubem - „tooth“ (3), bezzubý - „toothout“ (4), s velkými zuby - „bigteeth“ (5)
30.	Bazální zub na tarsálním drápku zadní nohy	Drápek s bazálním oblým zubem (0), drápek bez bazálního zubu (1)
31.	Tvarování tergítů na dorsu zadečku (Převzato z Grissell 1995)	Tergity bez zářezů na posteriorní hraně, Mt2 (první tergít) maximálně s mírně klenutou posteriorní hranou, nikdy laterálně zúžené (0) Mt2 s patrným zářezem na posteriorní hraně, zbytek tergítů bez zářezů, maximálně s mírně klenutou posteriorní hranou (1), Mt2-3 s patrným zářezem na posteriorní hraně, zbytek tergítů bez zářezů, maximálně s mírně klenutou posteriorní hranou (2), Mt2-3 s patrným zářezem na posteriorní hraně a výrazně prodloužena v porovnání se zbytkem tergítů (3), Mt2-4 s patrným zářezem na posteriorní hraně, zbytek tergítů bez zářezů, maximálně s mírně klenutou posteriorní hranou (4), Mt2-5 s patrným zářezem na posteriorní hraně, zbytek tergítů bez zářezů, maximálně s mírně klenutou posteriorní hranou (5), Mt2-4 s patrným zářezem na posteriorní a laterální hraně (6)
32.	Počet sít na zadečkovém petiolu	Žádná (0), jedna (1), dvě (2), tři (3), čtyři (4), atd.
33.	Přítomnost špičky na apexu tykadla	Nepřítomna (0) přítomna (1)
34.	Hostitel	Blanokřídli hostitelé nebo jakékoliv hálkotvorné organismy (0), vajíčka hmyzu (1), jiné (2)
35.	Geografické rozšíření	Palearktická oblast (0), orientální oblast (1), afrotropická oblast (2), nearktická oblast (3), neotropická oblast (4), Austrálie (5)

4.17. Analýza mapování distribuce morfologických znaků

Analýza mapování distribuce morfologických znaků byla provedena v programu Mesquite v2.75 (Maddison & Maddison 2011). Mapování bylo provedeno na výsledný strom zbavený přebytečných taxonů. Matice znaků obsahovala 33 taxonů a 35 znaků.

Pro mapování znaků na strom a jejich evoluci byl použit model „maximální parsimonie“ (MP). Pro každý znak byly vypočteny hodnoty retenčního (RI) a konzistenčního (CI) indexu (Kluge & Farris 1969; Farris 1989).

$$RI = \frac{\text{Maximální možný počet změn} - \text{Pozorovaný počet změn}}{\text{Maximální možný počet změn} - \text{Minimální možný počet změn}}$$

$$CI = \frac{\text{Minimální možný počet změn}}{\text{Pozorovaný počet změn}}$$

Pokud $RI = 1$, pak distribuce stavů znaku na fylogenetickém stromu perfektně odpovídá topologii stromu a evoluce daného znaku velice pravděpodobně odpovídá naší fylogenetické hypotéze. Pokud $RI = 0$, pak jde o znak, který nám o evoluci taxonů neříká nic.

Pokud $CI = 1$, pak je velmi pravděpodobné, že znak je ve všech případech homologický a vznikl tedy pouze jednou. Naopak, čím více se CI blíží hodnotě 0, tím spíše si můžeme být jistí, že dané stavy znaku vznikly více než jednou (Farris 1989).

4.18. Další software

Grafické přílohy a výsledné stromy bylo potřeba pro uvedení v této práci graficky upravit. Pro drobné úpravy a vkládání převzatých obrázků byl použit program „Malování“ („Paint“) implementovaný v operačním systému Windows 7 Enterprise od firmy Microsoft Corporation. Složitější grafické úpravy především výsledných fylogenetických stromů byly prováděny v programech Tree Figure Drawing Tool v1.4.0 od Andrewa Rambauta a v programu Corel Draw X5TM od firmy Corel Corporation.

Dále byl využíván kancelářský balík Microsoft Office 2010 od společnosti Microsoft Corporation, v jehož textovém editoru byla zkomponována i tato práce a přílohy.

5. Výsledky

5.1. Výsledky molekulární analýzy

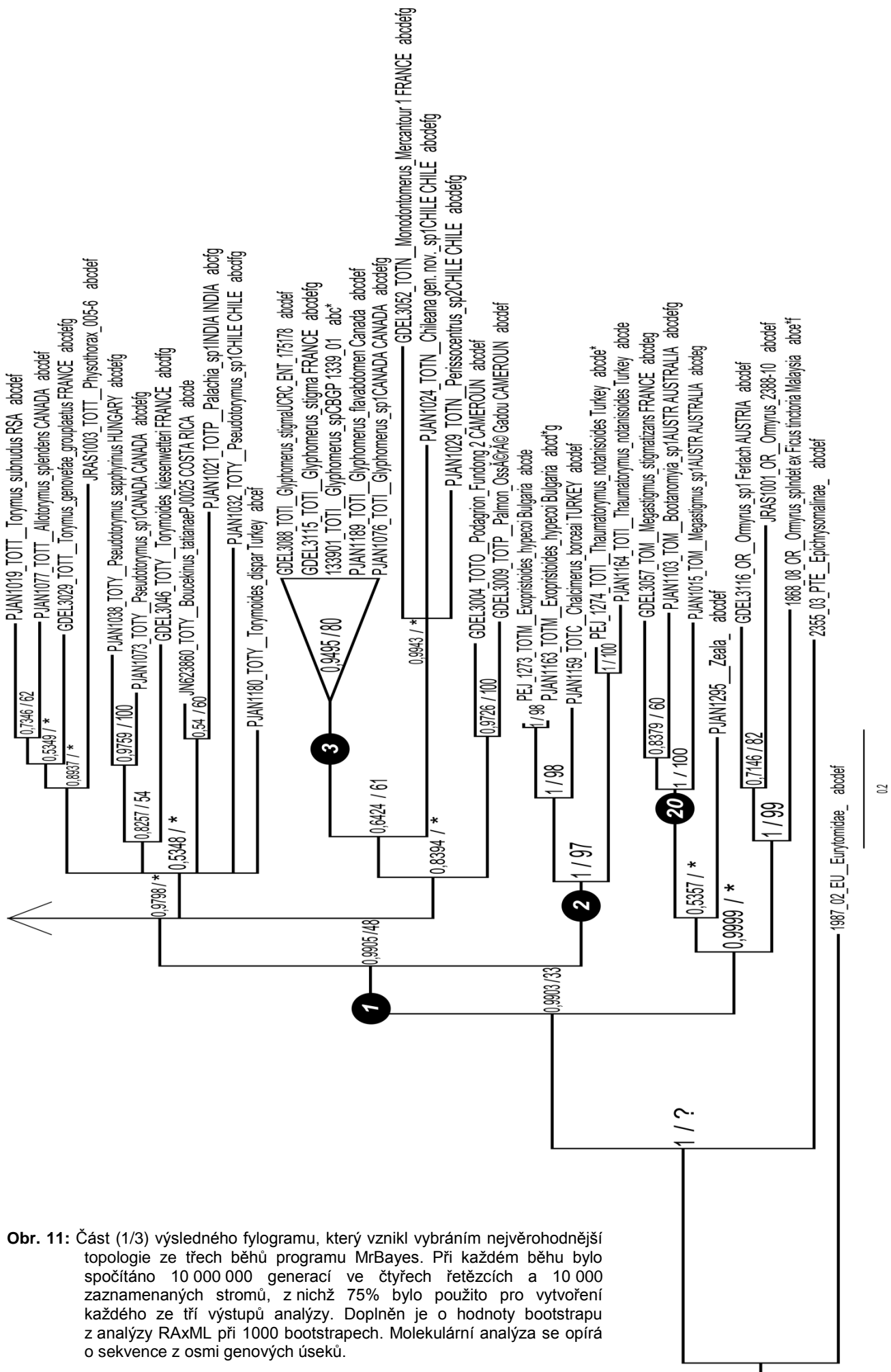
Pro molekulární analýzu byla izolována DNA z 9 jedinců. Dalších 78 DNA izolátů poskytl školitel. Z DNA izolátů bylo připraveno přes 400 reakcí PCR. Celkem bylo ze sekvenační laboratoře obdrženo přes 90Kbp pro 8 genových úseků. Získané sekvence pak byly doplněny o sekvence poskytnuté školitelem (Janšta 2014). Takto vznikl primární alignment 8 genových úseků dlouhý 5570 pozic pro 124 taxonů.

Z primárního alignmentu bylo pomocí RAxML postupně vytvořeno 60 pracovních verzí fylogenetických stromů, 45 podle alignmentů genových úseků a 15 podle celého datasetu. Díky těmto fylogramům mohl vzniknout finální alignment dlouhý 5569 pozic pro 117 taxonů obsahující informaci pro 387 276 pozic.

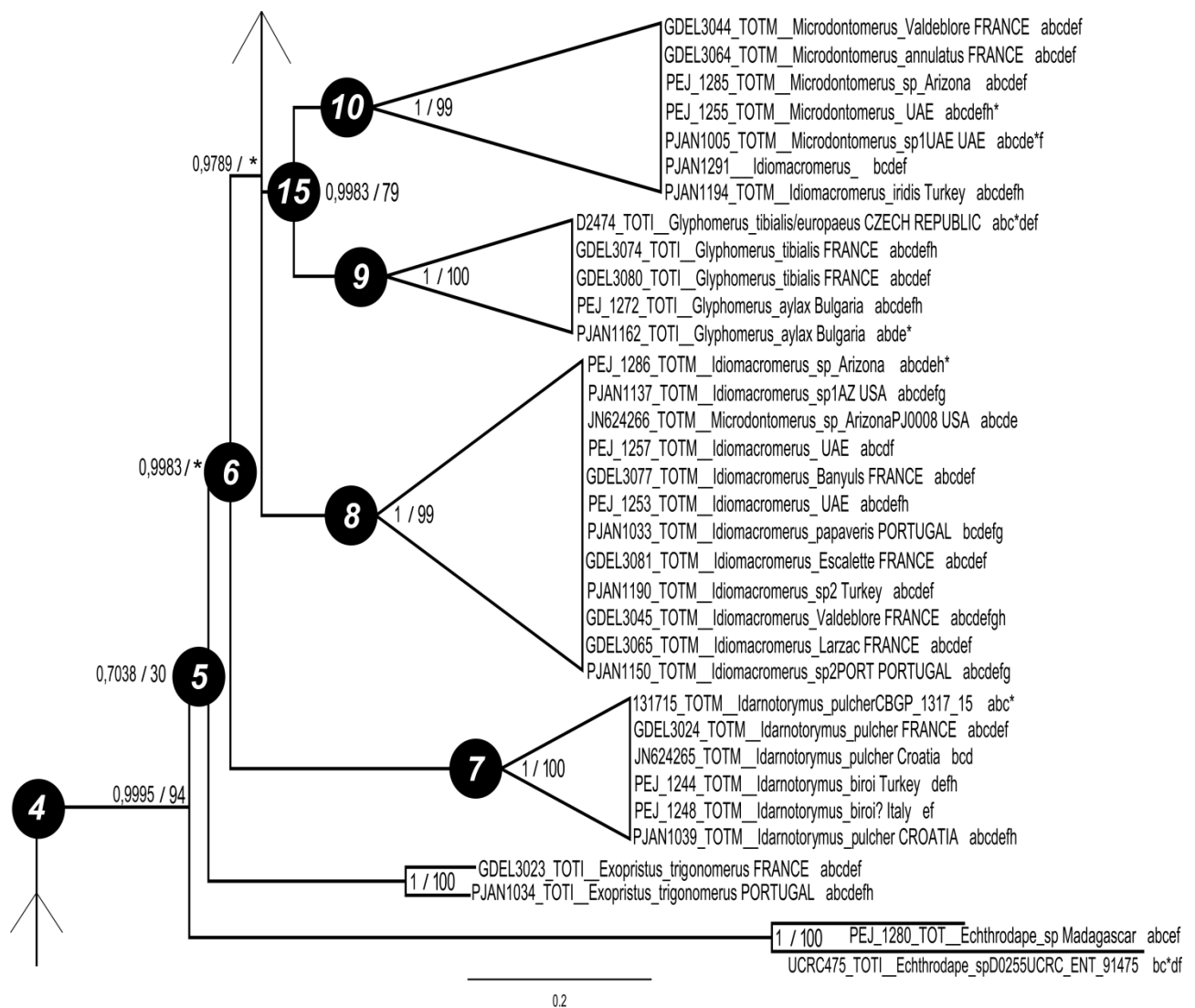
Pro vybrané genové úseky v alignmentu byly pomocí programu jModeltest 2.1.5 (Darriba et al. 2012) navrženy substituční modely a ty následně vybrány pomocí Aikakeho informačního kritéria (AIC) a bayesiánského informačního kritéria (BIC). Uvedeny jsou v příložené tabulce (Tabulka 2).

Genový úsek	Model podle AIC	Model podle BIC
18S a 28S	GTR+I+G	GTR+G
COI první pozice	GTR+G	GTR+G
COI druhá pozice	GTR+I+G	GTR+I+G
COI třetí pozice	GTR+I+G	GTR+I+G
EF1 α	SYM+I+G	SYM+I+G
Wingless	GTR+I+G	SYM+I+G
CytB první pozice	HKY+G	HKY+G
CytB druhá pozice	GTR+G	GTR+G
CytB třetí pozice	GTR+I+G	GTR+I+G

Z finálního alignmentu bylo vytvořeno pět finálních stromů. Dva pomocí algoritmu RAxML a tři za použití algoritmu MrBayes. Výsledný strom obsahuje posteriorní pravděpodobnosti z MrBayes i hodnoty bootstrapu z RAxML pro jednotlivé nody. Topologie výsledného fylogenetického stromu odpovídá topologii získané algoritmem MrBayes. Protože některé nody s nízkými podporami se v jednotlivých analýzách neshodovaly, jsou místo hodnoty bootstrapu v takových větveních uvedeny hvězdičky. Všechny získané fylogramy z finálních analýz jsou umístěny v přílohách (10.3. *Přímé výstupy finálních molekulárních analýz*). Pro sestavení výsledného fylogramu byla použita topologie finální analýzy MrBayes 2 a bootstrapy z RAxML 2.



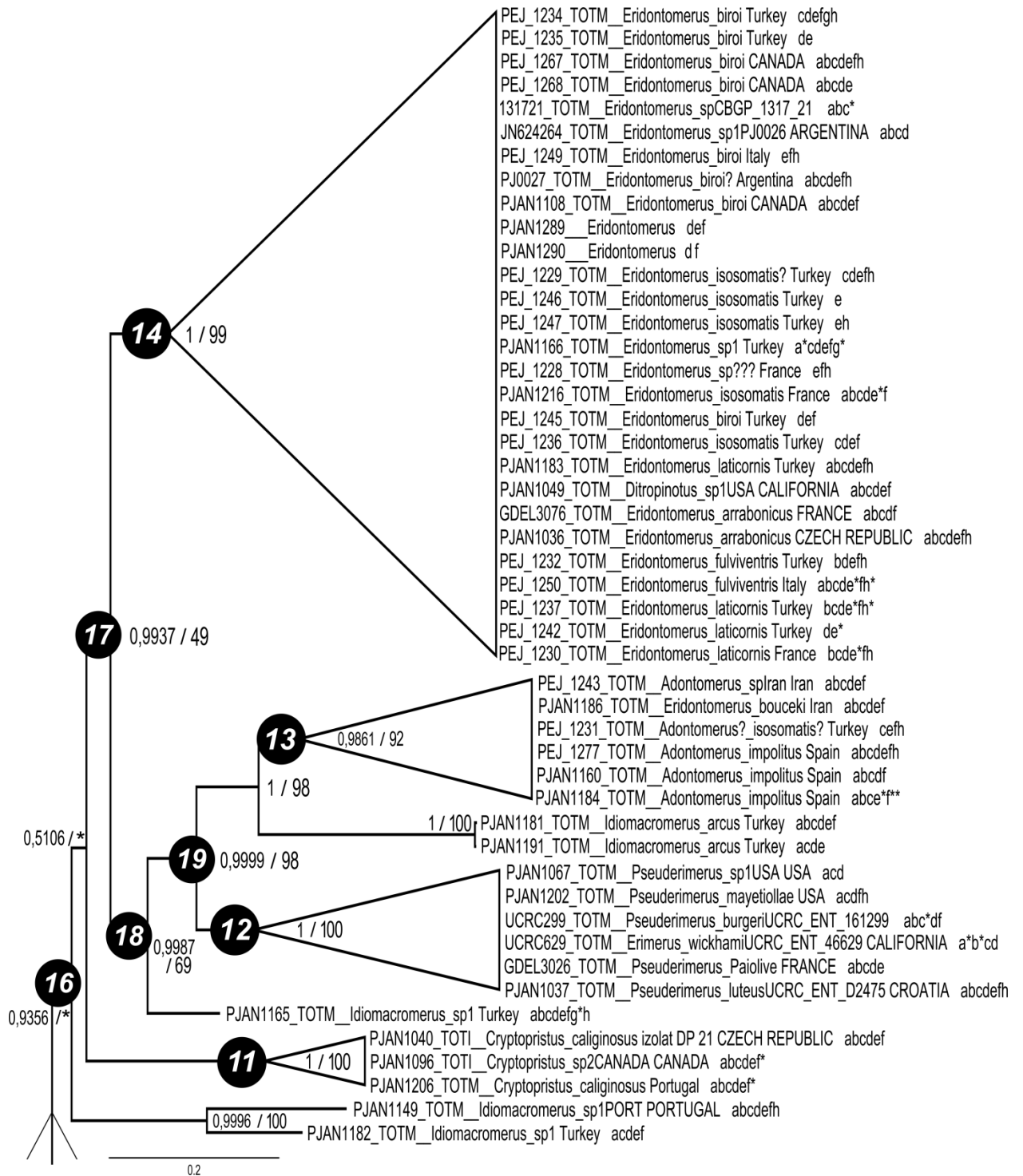
Obr. 11: Část (1/3) výsledného fylogramu, který vznikl vybráním nejvěrohodnější topologie ze třech běhů programu MrBayes. Při každém běhu bylo spočítáno 10 000 000 generací ve čtyřech řetězcích a 10 000 zaznamenaných stromů, z nichž 75% bylo použito pro vytvoření každého ze tří výstupů analýzy. Doplněn je o hodnoty bootstrapu z analýzy RAxML při 1000 bootstrapech. Molekulární analýza se opírá o sekvence z osmi genových úseků.



Obr. 12: Část (2/3) výsledného fylogramu, který vznikl vybráním nejvěrohodnější topologie ze třech běhů programu MrBayes. Při každém běhu bylo spočítáno 10 000 000 generací ve čtyřech řetězcích a 10 000 zaznamenaných stromů, z nichž 75% bylo použito pro vytvoření každého ze tří výstupů analýzy. Doplněn je o hodnoty bootstrapu z analýzy RAXML při 1000 bootstrapech. Molekulární analýza se opírá o sekvence z osmi genových úseků.

Ve výsledném fylogramu (Obr. 11, 12, 13) můžeme pozorovat z nodu 1 vycházející monofyletické Toryminae. Zajímavé je, že s vysokou posteriorní podporou (PP=0,9903) se jako sesterská skupina jeví klád obsahující zástupce čeledi Ormyridae, rodu *Zeala* Bouček, 1988 a především podčeledi Megastigminae. V nodu 1 je podčeď Toryminae s vysokou posteriorní pravděpodobností, ale bezvýznamným bootstrapem (PP = 0,99 / BP = 48), členěna na dva klády. Z nodu 2 vycházející a velmi dobře podpořený klád (1/97) obsahující rody *Exopristoides*, *Chalcimerus* a *Thaumatorymus* a tomuto kládu sesterský zbytek podčeledi Toryminae, který není v hlubších divergencích příliš dobře rozlišen.

Nicméně, v nodu 3 rozhodně stojí za zmínku posteriorní pravděpodobností i bootstrapem (0,95 / 80) slušně podpořený klád obsahující některé příslušníky rodu *Glyphomerus*. Samotné triby podčeledi Toryminae většinou nemají ve fylogramu příliš



Obr. 13: Část (3/3) výsledného fylogramu, který vznikl vybráním nejvěrohodnější topologie ze třech běhů programu MrBayes. Při každém běhu bylo spočítáno 10 000 000 generací ve čtyřech řetězcích a 10 000 zaznamenaných stromů, z nichž 75% bylo použito pro vytvoření každého ze tří výstupů analýzy. Doplněn je o hodnoty bootstrapu z analýzy RAxML při 1000 bootstrapech. Molekulární analýza se opírá o sekvence z osmi genových úseků.

dobrou podporu, ale to lze samozřejmě objektivně přiřknout nepříliš velkému samplingu, který je *a priori* zaměřen na tribus Microdontomerini.

Klád s velmi dobrou podporou (0,99/94) nám vychází z nodu 4. Jako nejdříve divergující skupina se zde jeví zástupci rodu *Echthrodape*, jejichž klád je velmi dobře podpořen (1/100) a kteří jsou velmi pravděpodobně sesterští celému zbytku kládu 4.

V následujícím nodu 5 se s v podstatě bez podpory (0,70/30) odštěpuje *Exopristus trigonomerus*.

V dalších nodech se topologie bayesiánské a maximum-likelihood analýzy liší a uvedena je ta bayesiánská. V nodu 6 (0,99/*) se rozlišují dobře podpořený rod *Idarnotorymus* (1/100) umístěný v kládu 7 a zbytek rodů patřících do tribu Microdontomerini. Následuje nerozlišené členění na 3 velmi dobře podpořené klády. V nodu 8 jsou to zástupci jinak polyfyletického rodu *Idiomacromerus* (1/99). V nodu 15 je to dobře podpořený klád (0,99/79) spojující část rodu *Glyphomerus* s rodem *Microdontomerus*. Třetí klád vystupuje z této „trichotomie“ v nodu 16 a je podpořen posteriorní pravděpodobností 0,94. Část rodu *Glyphomerus* je v nodu 9 (1/100) maximálně podpořená a rod *Microdontomerus* v nodu 10 (1/99) taktéž.

V nodu 16 je rozlišen dobře podpořený klád (0,99/100) se dvěma zástupci rodu *Idiomacromerus* z mediteránní oblasti. Druhý klád vystupující z nodu 16 nemá žádnou podporu, avšak můžeme v něm naprosto jasně identifikovat výborně podpořený klád 11 (1/100) se zástupci rodu *Cryptopristus*. Poloha kládu 11 na topologii fylogramu je však nepodpořená.

Klád 17 (0,99/49) je členěn na velmi významně podpořený klád 14 (1/99), obsahující rod *Ditropinotus* a naprostou většinu rodu *Eridontomerus* zkoumanou v této analýze, a na klád 18 (0,99/69). V kládu 18 pozorujeme dalšího ze zástupců rodu *Idiomacromerus* z mediteránní oblasti a jemu sesterský klád 19. Klád 19 je s velmi dobrou podporou (0,99/98) členěn na zcela podpořený klád 12 (1/100), který sjednocuje zástupce rodu *Pseuderimerus* se zástupcem rodu *Erimerus*, a klád skládající se ze zástupců rodu *Adontomerus* a druhu *Eridontomerus bouceki* sjednoceného v nodu 13 (0,99/92) a jim sesterského kládu (1/100) obsahujícího další zástupce rodu *Idiomacromerus* z mediteránní oblasti.

5.2. Výsledky analýzy mapování distribuce morfologických znaků



Obr. 14: Strom pro morfologické mapování vzniklý odstraněním přebytečných taxonů z výsledného fylogramu.

Morfologická analýza byla provedena na upraveném výsledném fylogramu (Obr. 14). Použita byla vytvořená matice znaků pro 33 taxonů a 33 morfologických znaků, jeden znak bionomický a jeden znak vypovídající o geografické distribuci taxonů. Tato matice obsahuje celkem 1113 informativních položek. Matice je k nahlédnutí v přílohách (10.4. *Matice morfologických znaků*) Pro každý znak byl vypočítán retenční (RI) a konzistenční (CI) index (Tabulka 3).

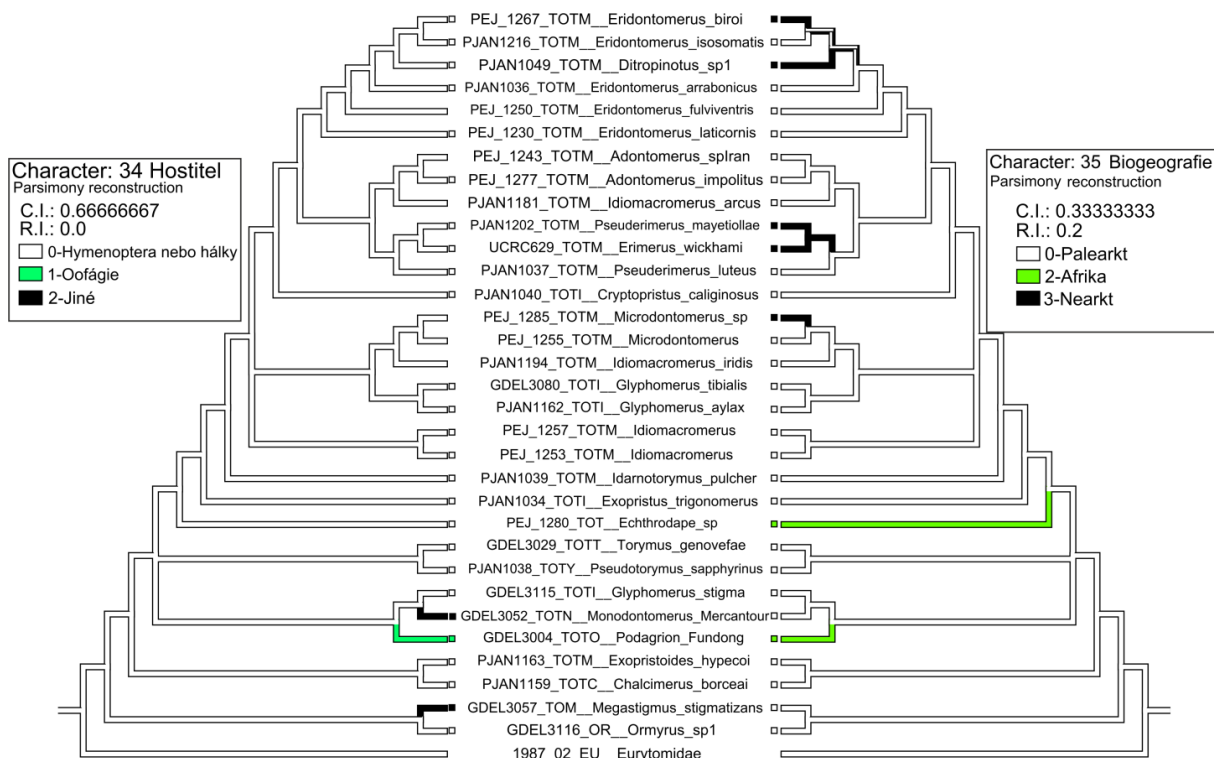
• **Tabulka 3: Retenční (RI) a konzistenční (CI) indexy pro jednotlivé znaky**

Znak	RI	CI	Znak	RI	CI
1	0.38461538	0.27272727	19	0.3125	0.38888889
2	0.0	0.33333333	20	0.0	0.75
3	0.0	1.0	21	0.0	0.33333333
4	0.0	0.25	22	0.09090909	0.09090909
5	0.18181818	0.18181818	23	0.14285714	0.33333333
6	1.0	1.0	24	0.4	0.4
7	0.33333333	0.2	25	0.0	0.4
8	0.22222222	0.22222222	26	0.4	0.14285714
9	0.35294118	0.3125	27	0.66666667	0.5
10	0.5	0.28571429	28	0.0	0.5
11	0.57142857	0.25	29	0.29411765	0.29411765
12	0.0	0.33333333	30	0.57142857	0.25
13	0.0	0.25	31	0.41176471	0.33333333
14	0.83333333	0.66666667	32	0.3125	0.38888889
15	0.35294118	0.15384615	33	1.0	1.0
16	0.0	1.0	34	0.0	0.66666667
17	0.0	0.4	35	0.2	0.33333333
18	0.66666667	0.5			

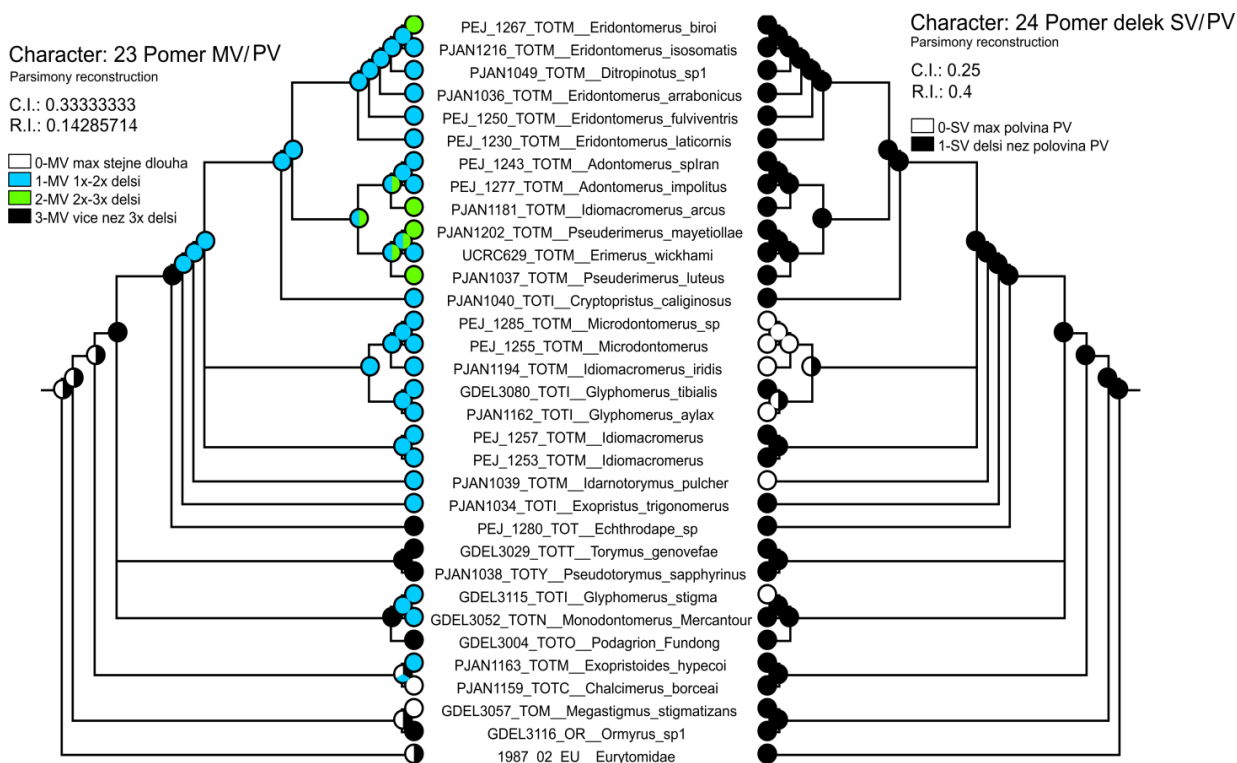
Nyní postupně zmíním znaky, které nejsou morfologické (34 a 35), znaky, kterými Grissell (1995) popsal tribus *Microdontomerini* nebo podčeď *Toryminae*, další znaky, které Grissell (1995) použil, a na závěr znaky, které použili jiní autoři, a znaky, které byly nově definovány.

Na upravený výsledný fylogram (Obr. 14) byly nasimulovány životní strategie (znak 34) a rozšíření (znak 35) zkoumaných druhů (Obr. 15). Výsledné hodnoty RI a CI jsou velmi nízké, nicméně výsledkům se přesto blíže věnuji v diskuzi.

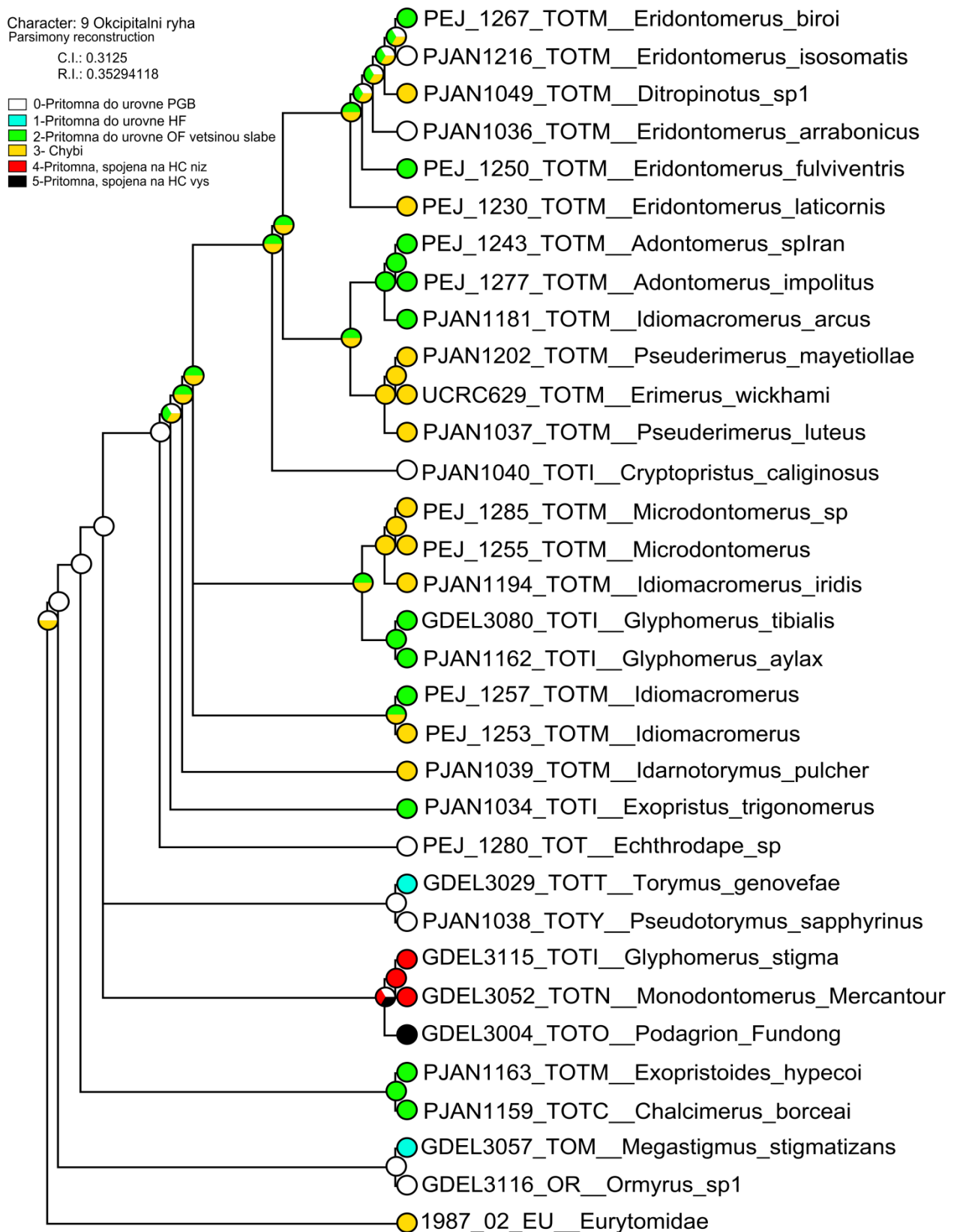
V tribu *Microdontomerini* je marginální žilka vždy delší než žilka postmarginální, občas více než 2x (Obr.16). V outgroupech se poměr MŽ/PŽ pohybuje ve velkém rozmezí $1 > MŽ/PŽ > 3$. Poměr stigmální a postmarginální žilky klesá pod úroveň 0,5 pouze v rodech *Idarnotorymus*, *Glyphomerus* a *Microdontomerus* (+ *Idiomacromerus iridis*) (Obr. 16). Jinak se tento poměr v celém zkoumaném datasetu pohybuje v rozmezí (0,5;1) i mimo tribus *Microdontomerini*. Analýza distribuce morfologických znaků u obou znaků vykazuje poměrně nízké hodnoty CI a RI, ale hodnocení výsledků se přesto blíže věnuji v diskuzi.



Obr. 15: Výsledek mapování distribuce znaků 34 (Hostitel) a 35 (Geografické rozšíření) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.



Obr. 16: Výsledek mapování distribuce znaků 23 a 24 (Poměry MŽ/PŽ a SŽ/PŽ) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.



Obr. 17: Výsledek mapování distribuce znaku 9 (Okcipitální rýha) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.

Analýza distribuce morfologických znaků pro znak 9 - Okcipitální rýha, ukazuje často slabou expresi tohoto znaku v tribu Microdontomerini (Obr. 17). V ostatních taxonech je exprese okcipitální rýhy různá. Výsledkům se blíže věnuji v diskuzi.

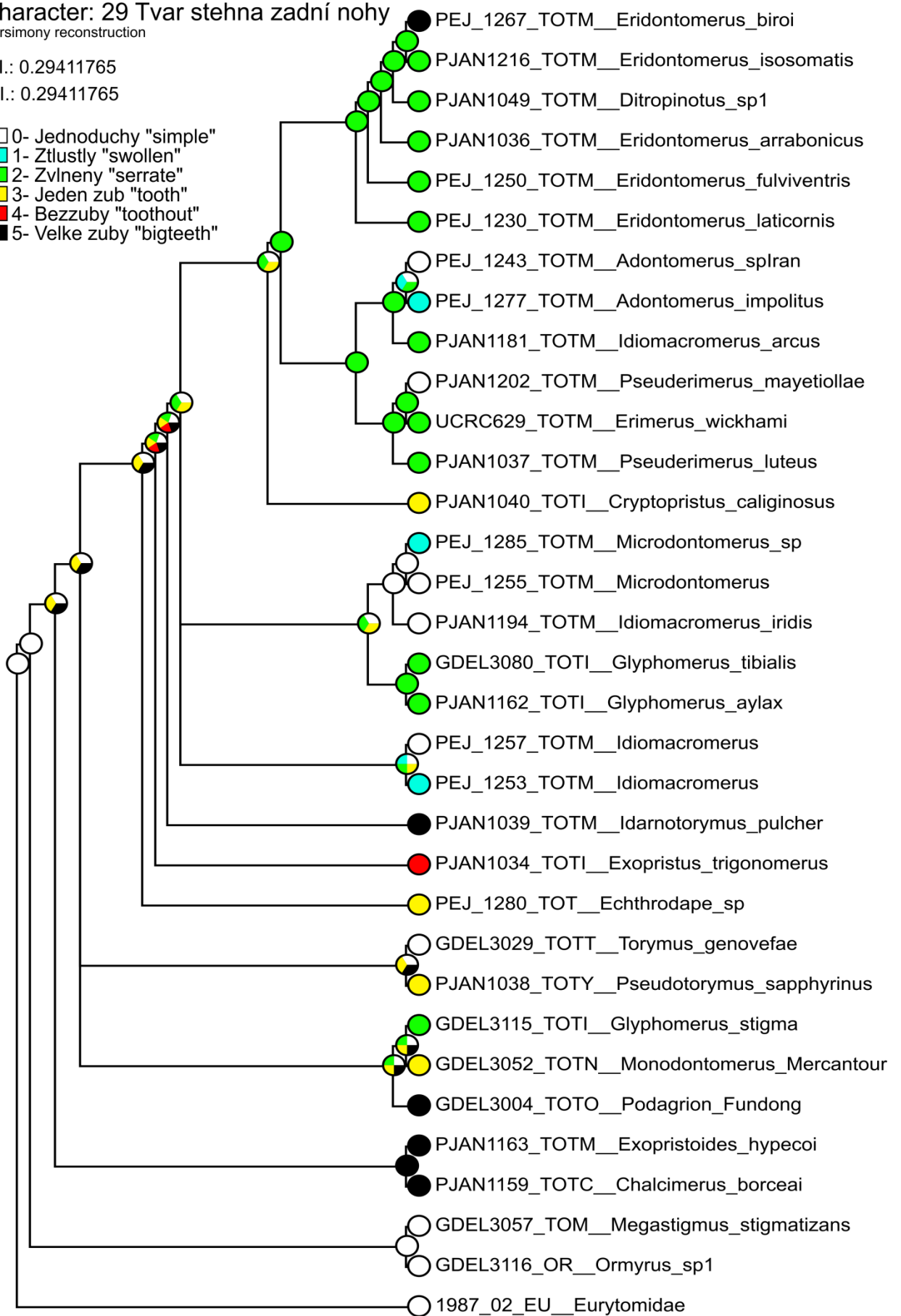
Character: 29 Tvar stehna zadní nohy

Parsimony reconstruction

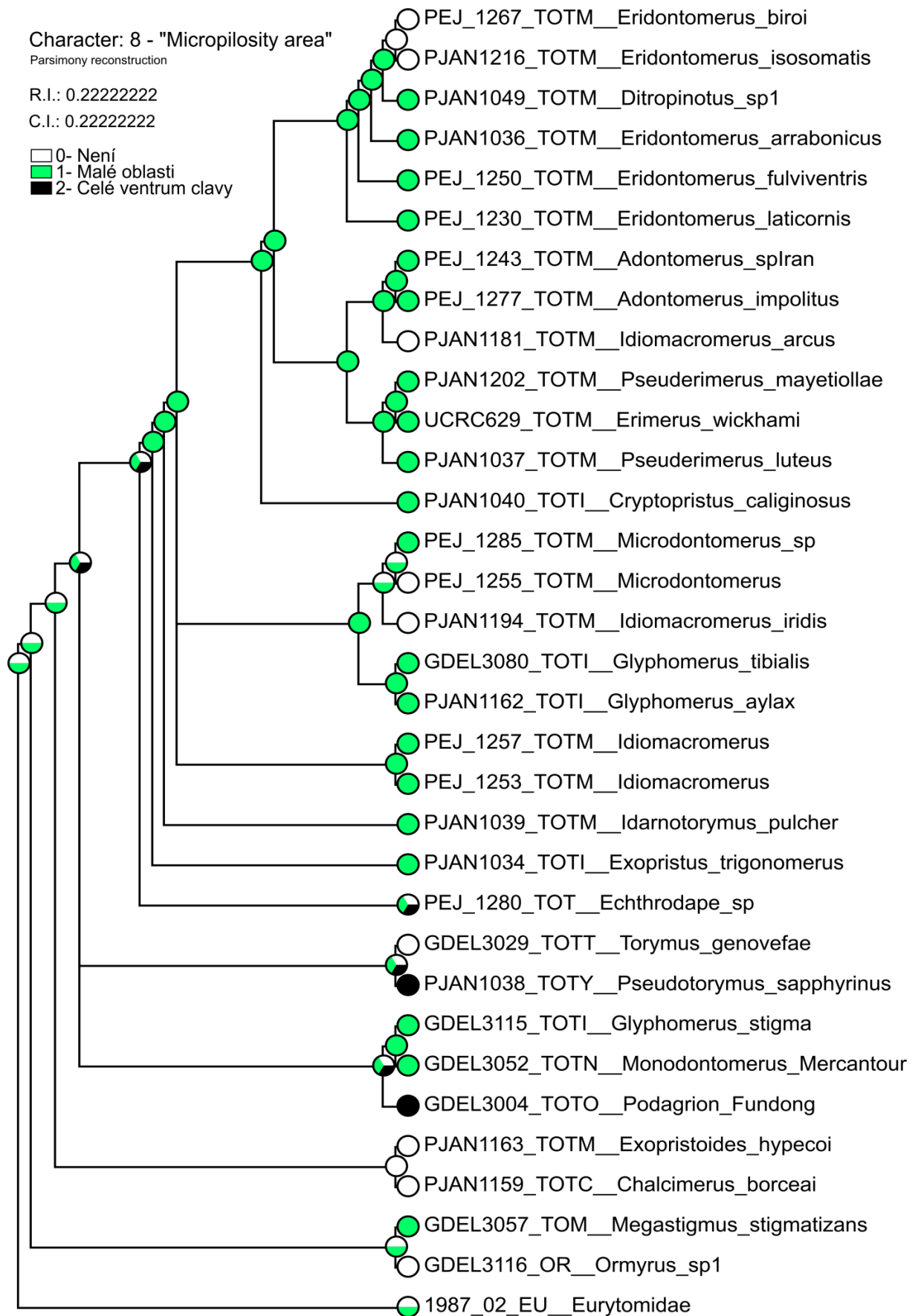
C.I.: 0.29411765

R.I.: 0.29411765

- 0- Jednoduchy "simple"
- 1- Ztlustly "swollen"
- 2- Zvlhny "serrate"
- 3- Jeden zub "tooth"
- 4- Bezzuby "toothout"
- 5- Velke zuby "bigteeth"



Obr. 18: Výsledek mapování distribuce znaku 29 (Tvar stehna zadní nohy) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.



Obr. 19: Výsledek mapování distribuce znaku 8 („Micropilosity area“ na paličce tykadla) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.

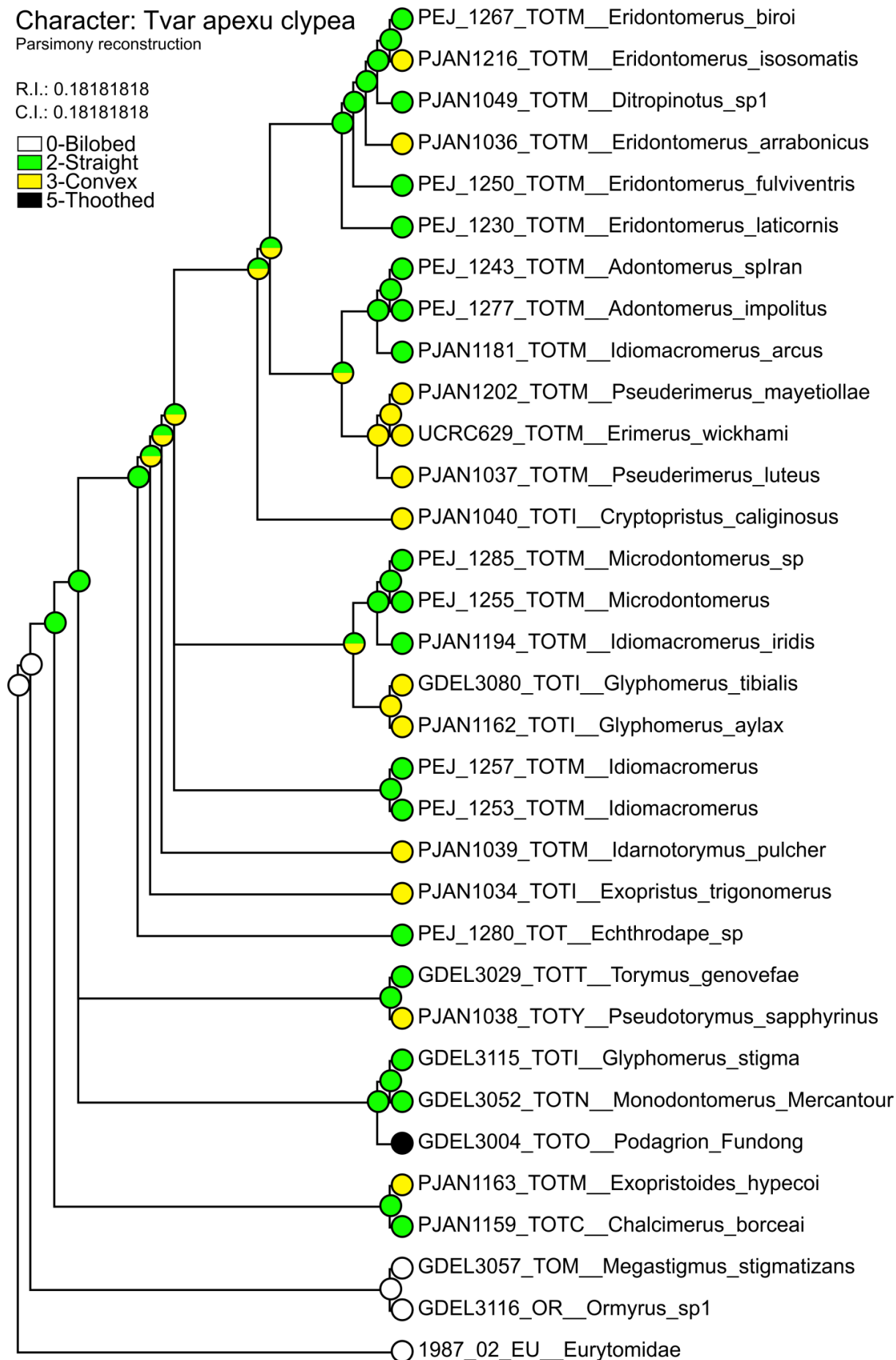
Character: Tvar apexu clypea

Parsimony reconstruction

R.I.: 0.18181818

C.I.: 0.18181818

- 0-Bilobed
- 2-Straight
- 3-Convex
- 5-Thoothed

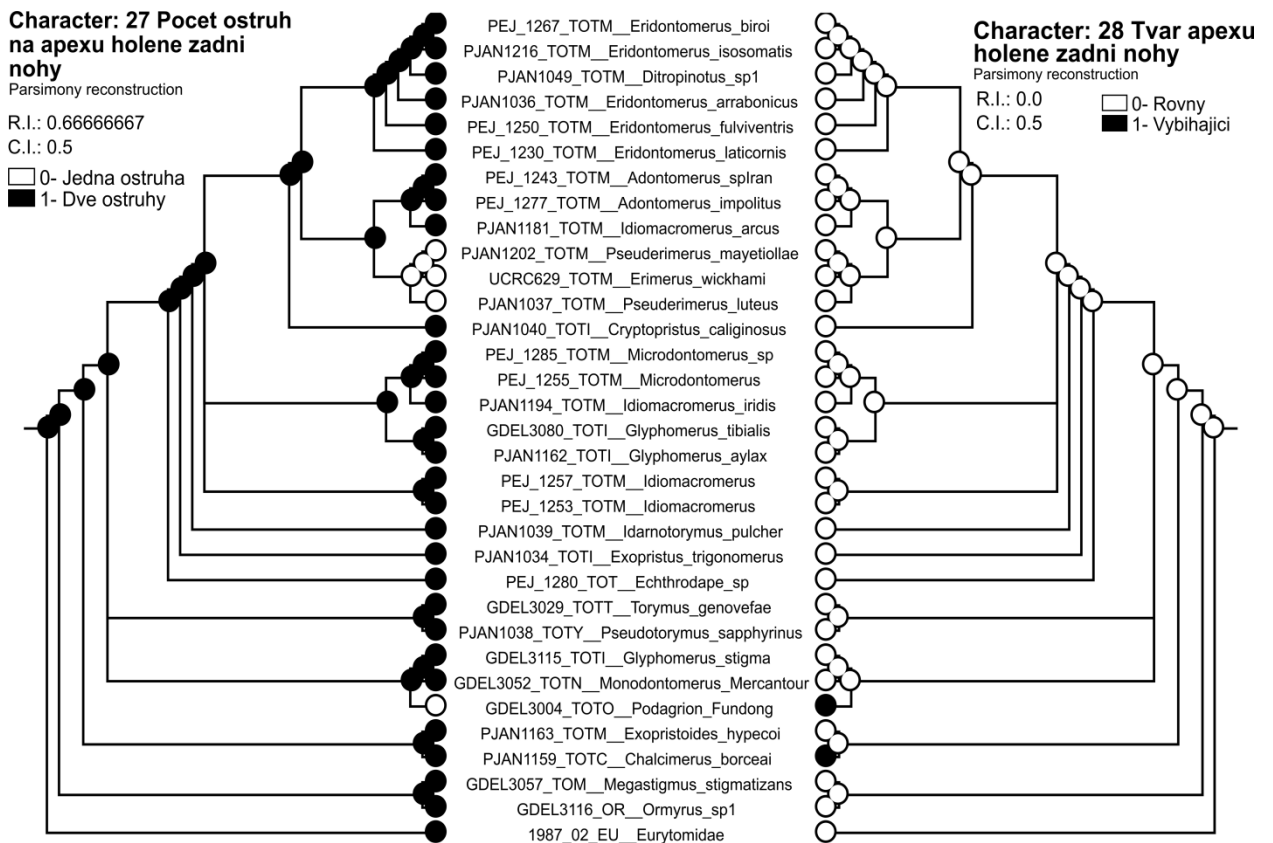


Obr. 20: Výsledek mapování distribuce znaku 1 (Tvar apexu clypea) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.

Nízkých hodnot RI a CI dosáhla analýza distribuce znaku 29 – Tvar stehna zadní nohy (Obr. 18). Pro jednotlivé rody nelze s jistotou stanovit plesiomorfni stavy znaku a jen některé fylogenetické skupiny vykazují výhradně jeden stav znaku. Znak je dále diskutován.

Přítomnost „micropilosity area“ (znak 8) je pro tribus Microdontomerini sice běžná, nikoli však výhradní. Analýza distribuce tohoto znaku (Obr. 19) neposkytla vysoké hodnoty RI a CI, ale blíže je rozebrána v diskuzi.

Ačkoli ani v analýze distribuce znaku 1 – Tvar apexu clypea, (Obr. 20) nebylo dosaženo vysokých hodnot RI a CI, v podčeledi Toryminae se téměř výhradně vyskytují stavy znaků (2) – „straight“ a (3) – „convex“, zatímco mimo podčeleď Toryminae pozorujeme pouze stav (0) – „bilobed“. Analýza tohoto znaku je dále blíže diskutována.



Obr. 21: Výsledek mapování distribuce znaků 27 (Počet ostruh na apexu holeně zadní nohy) a 28 (Tvar apexu holeně zadní nohy) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.

Zkoumané taxony většinou vykazují dvě ostruhy na apexu holeně zadní nohy (Obr. 21, levá část). Proto je přítomnost jediné ostruhy velmi dobrým rozpoznávacím znakem kládu *Erimerus* + *Pseuderimerus* v tribu Microdokterini. Mimo tribus Microdokterini je v analýze jediná ostruha přítomna pouze u zástupce tribu Podagrionini. Distribuce znaku 27 je navíc podpořena hodnotami RI a CI.

Znak 28 - Apex holeně zadní nohy byl ve stavu (0) - rovný, u všech zástupců tribu Microdokterini (Obr. 21, pravá část). Ve zkoumaném datasetu však stav (1) - vybíhající, vykazovaly pouze zástupci rodů *Podagrion* a *Chalcimerus*. O evoluci tohoto znaku tak těžko něco soudit, nicméně se k oběma znakům (27, 28) vyjadřuji ještě v diskuzi.

Výraznější vykrojení či zářezy na tergitech nejsou v tribu Microdokterini zcela běžné (Obr. 22). Jednotlivé stavy znaku 31 – Tvarování tergitů na dorsu zadečku, se však v analýze zpravidla nevyskytovaly v jednoznačných monofyletických skupinách a blíže se výsledkům věnuji v diskuzi.

Následují výsledky analýzy distribuce znaků, které Grissell (1995) neuvádí při popisu tribu Microdokterini, ale v analýzách je používá, a výsledky znaků ostatních.

Analýza distribuce znaku 5 – Počet anelli na samičím tykadle, poskytla kromě nízkých hodnot RI a CI zobrazení víceméně nahodilé distribuce stavů znaků napříč zkoumanými taxony. Více než jeden anellus byl nalezen pouze u *Pseuderimerus mayetiola*, jinak se počet redukovaných článků bičíku samičího tykadla u zkoumaných taxonů pohyboval na hodnotách 1 a 2. Pro tribus Microdokterini by mohl být plesiomorfním stavem počet anelli, jeden anellus. Znak je blíže diskutován níže

Pokud je stav znaku vykazován pouze v jednom případě, pak je sice konzistenční index roven 1, ale retenční index je roven 0 a o evoluci skupin nám takový znak mnoho neprozradí. Avšak takové znaky se dají alespoň použít k rozlišení konkrétního druhu. V analýze mapování distribuce morfologických znaků to platí pro znaky: 3 - Vzájemná vzdálenost clypeálních tentoriálních jamek ku jejich vzdálenosti od ventrální hrany clypea, a 16 - Přítomnost notauli. Rozdílný stav znaku oproti všem ostatním zkoumaným taxonům vykazoval v případě znaku 3 pouze *Chalcimerus borceai* a v případě znaku 16 pouze zástupce rodu *Ormyrus*.

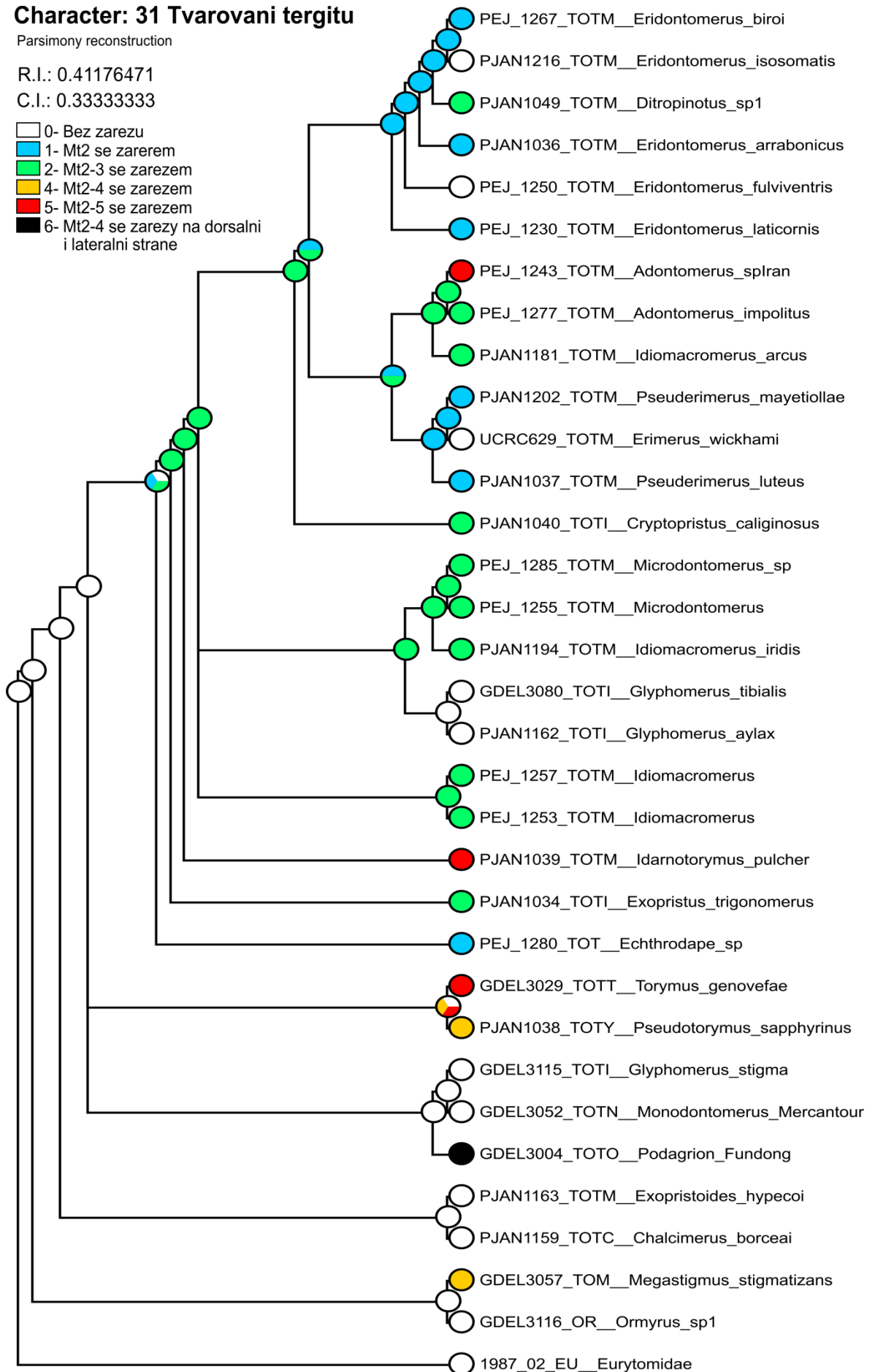
Character: 31 Tvarovani tergitu

Parsimony reconstruction

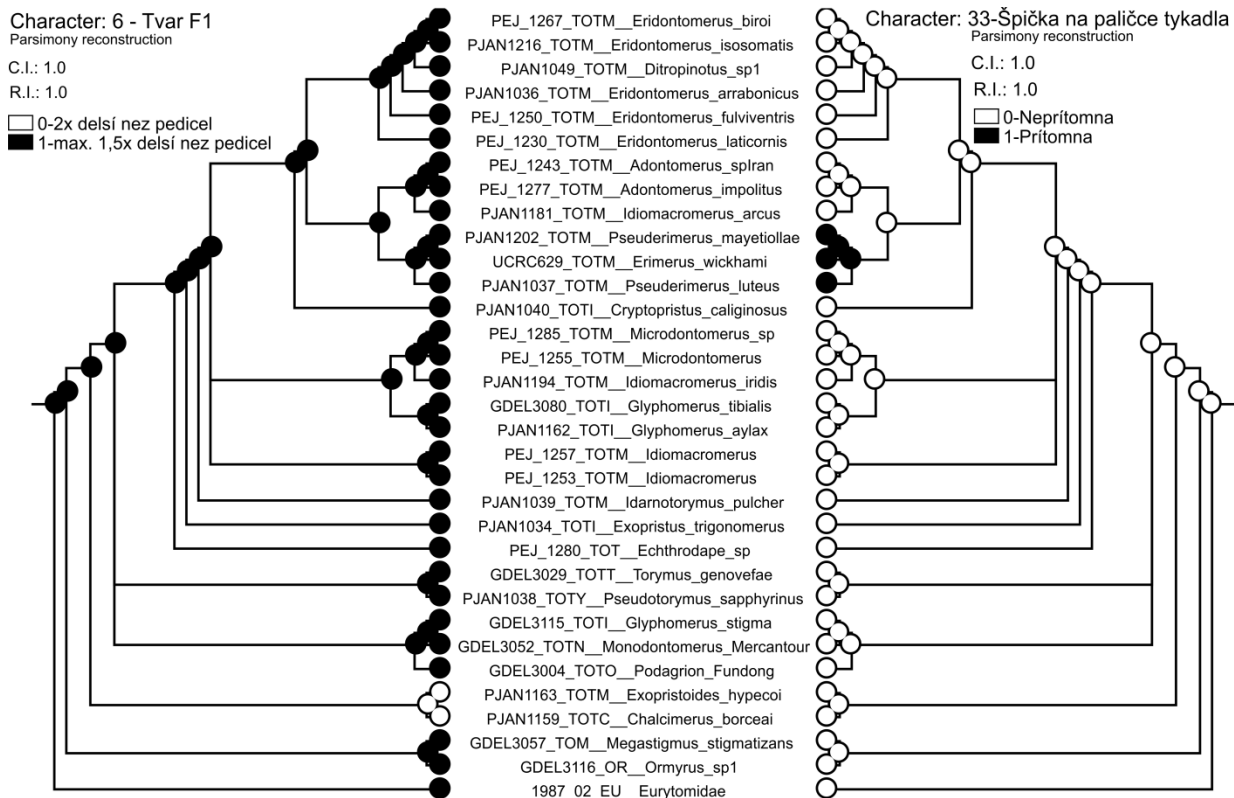
R.I.: 0.41176471

C.I.: 0.33333333

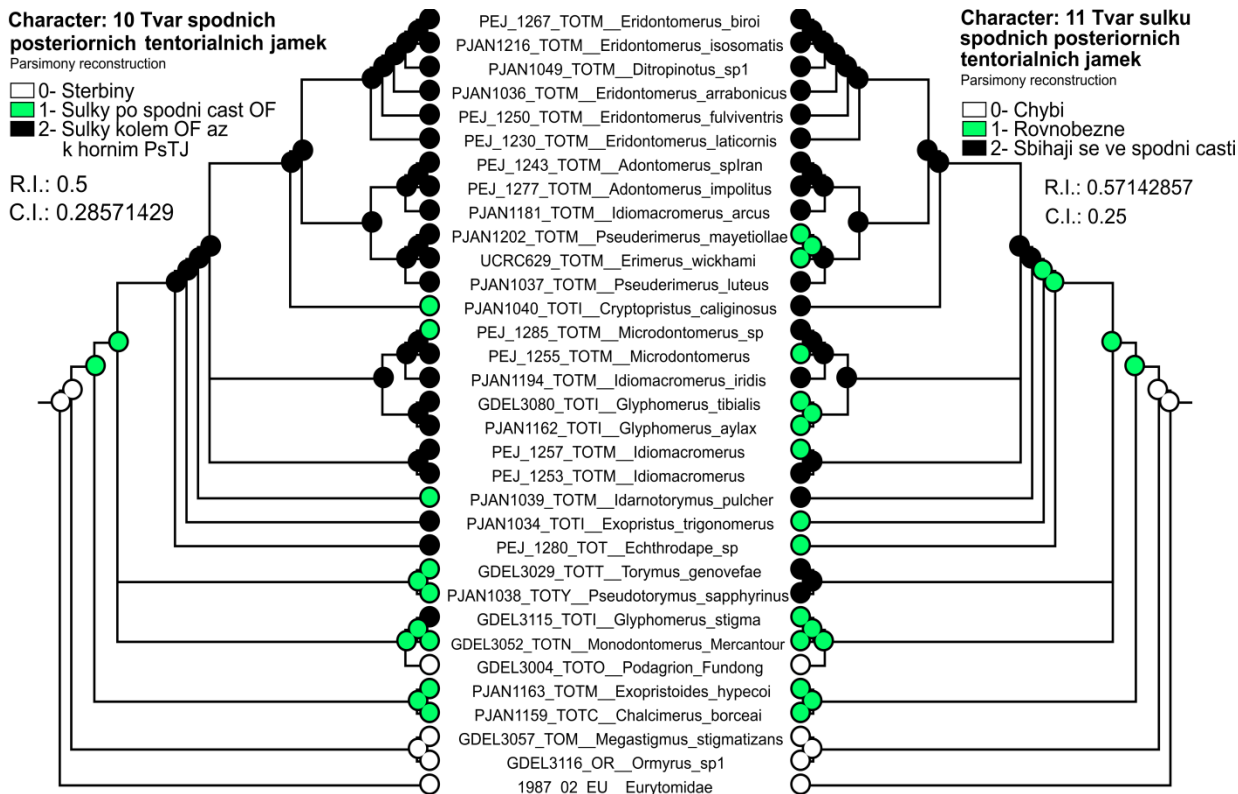
- 0- Bez zarezu
- 1- Mt2 se zarerem
- 2- Mt2-3 se zarezem
- 4- Mt2-4 se zarezem
- 5- Mt2-5 se zarezem
- 6- Mt2-4 se zarezy na dorsalni i lateralni strane



Obr. 22: Výsledek mapování distribuce znaku 31(Tvarování tergitů na dorsu zadečku) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.



Obr. 23: Výsledek mapování distribuce znaků 6 (Tvar prvního funikulárního článku (F1) samičího tykadla) a 33 (Přítomnost špičky na apexu tykadla) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.



Obr. 24: Výsledek mapování distribuce znaků 10 (Tvar spodních posttentoriálních jamek) a 11 (Vzájemná pozice sulků spodních posttentoriálních jamek) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.

Znak 17 – Rozlišitelnost frena na scutellu, nedosáhl v analýze distribuce morfologických znaků vysokých hodnot RI a CI. Téměř všichni zástupci tribu Microdontomerini vykazovaly v analýze stav (2) – scutellum bez rozlišeného frena. Jedinou výjimkou je rod *Echthrodape*, vykazující stav (0) – frenum jasně rozlišitelné díky rýze nebo dobře rozpoznatelné linii. Mimo tribus Microdontomerini pak v analýze vykazovaly jiné stavy znaku, než stav (2), pouze zástupce rodu *Monodontomerus*(0), rodu *Exopristoides*(0), rodu *Megastigmus*(0) a rodu *Chalcimerus*(1).

Znak 20 – Architektura metasterna, nevykazuje v tribu Microdontomerini žádnou variabilitu a všichni zástupci tribu zahrnutí v analýze mají metasternum ve stavu (0) - Crypto. Jiné stavy vykazují v analýze pouze zástupci rodů *Chalcimerus*(2) *Megastigmus*(1), *Monodontomerus*(3) a *Podagrion*(1). Pro zástupce čeledi Ormyridae a Eurytomidae nebyly stavy znaku zjištěny.

Nejvyšších hodnot RI a CI dosáhly znaky 6 (Tvar prvního funikulárního článku (F1) samičího tykadla) a 33 (Přítomnost špičky na apexu tykadla)(Obr. 23). V rámci zkoumaných taxonů se jedná zcela jednoznačně o synapomorfie konkrétních skupin. Druhý funikulární článek bičíku samičího tykadla dosahující více než dvojnásobné délky oproti pedicelu samičího tykadla se zdá být apomorfií kládu *Exopristoides* + *Chalcimerus*. Obecně nelze říct, že by to byla skutečná synapomorfie tribu Chalcimerini, protože k tomu nemám dostatečný sampling, ale v této konkrétní analýze tomu tak je. Bičík samičího tykadla nesoucí na apexu špičku je v rámci zkoumaných taxonů apomorfií kládu *Pseuderimerus* + *Erimerus*. Nicméně, ani jeden z těchto znaků nevypovídá o evoluci v podčeledi Toryminae či tribu Microdontomerini mnoho.

Deskripce znaků 2 – Pozice tykadlových „torulí“, a 22 – Úhel svírající stigmální žilka s žilkou postmarginální na předním křídle, byla převzata z práce Lotfalizadeh et al. (2007), která byla zaměřena především na podčeleď Eurytominae Analýza distribuce znaků 2 a 22 vykazovala velmi nízké hodnoty RI a CI.

V analýze distribuce znaku 4 – Tvar první flagellomery, vykazují všichni zástupci tribu Microdontomerini, vyjma rodu *Erimerus*, stav znaku (1) – anellus širší než dlouhý. Kromě rodu *Erimerus* nalezneme stav (0) – anellus čtvercový nebo delší než široký, ještě u zástupců rodů *Megastigmus*, *Monodontomerus* a *Pseudotorymus*.

Znak 7 – Počet řad MPS na druhém funikulárním článku bičíku samičího tykadla, nedosáhl v analýze distribuce vysokých hodnot RI a CI. Stav (0) – více než dvě řady, vykazoval v tribu *Microdontomerini* pouze zástupce rodu *Echthrodape*. Plesiomorfním stavem by mohl být stav (1) – dvě řady, ale uvnitř tribu je běžnější stav (2) – jedna řada. Mimo tribus *Microdontomerini* se u zkoumaných taxonů různě vyskytují všechny tři stavy.

Dalšími zkoumanými znaky jsou tvary, velikosti a vzájemné pozice sulků spodních posttentoriálních jamek (Obr. 24). Pro tribus *Microdontomerini* je pravděpodobně plesiomorfním stavem znaku 10 - Tvar spodních posttentoriálních jamek, stav (2) - jamky ve tvaru sulků, které vybíhají kolem okcipitálního otvoru a téměř nebo zcela se dotýkají horních posttentoriálních jamek. Tento stav je u zkoumaných taxonů mimo tribus *Microdontomerini* přítomen pouze u zástupce *Glyphomerus stigma*. Několik zástupců tribu *Microdontomerini* má pak sulky spodních posttentoriálních jamek zkráceny na úroveň spodní části okcipitálního otvoru. Mimo podčeleď *Toryminae* pak u zkoumaných taxonů sulky zcela chybí.

Plesiomorfním stavem pro znak 11 - Vzájemná pozice sulků spodních posttentoriálních jamek je zřejmě stav (1) - sulky zcela nebo téměř rovnoběžné. V tribu *Microdontomerini*, ale i mimo tento, se pak sulky často ve spodní části sbíhají a to bez korelace s jejich délkou.

Znaky 12 – Rovina postgenálního můstku, a 13 – Šířka spodní vůči vrchní části postgenálního můstku, nebyly v analýze distribuce morfologických znaků příliš variabilní. Navíc dosáhly velmi nízkých hodnot RI a CI. Jejich distribuce vždy odpovídá pouze jednotlivým zástupcům a tyto znaky jsou tak spíše vhodné pro určení jedinců do druhu.

Velmi vhodným znakem pro analýzu distribuce morfologických znaků se zdá být znak 14 - Tvar hypostomálních rýh, (Obr. 25). Pro tribus *Microdontomerini* je pravděpodobně plesiomorfním stavem stav (2) - hypostomální rýhy se v horní třetině hypostomálního můstku vytráčí. Tento stav znaku 14 vykazují všichni zkoumaní zástupci tribu *Microdontomerini*. Mimo tribus *Microdontomerini* vykazuje stejný stav znaku pouze zástupce rodu *Pseudotorymus*. Pro zkoumané jedince kládu *Chalcimerus* + *Exopristoides* je společný stav (1) - hypostomální rýhy vedou paralelně a končí na úrovni spodního okraje sulků spodních posttentoriálních jamek. Ostatní zkoumaní

jedinci vykazují stav (0) - hypostomální rýhy vedou po celém obvodu hypostomálního můstku a spojují se, nebo jsou nanejvýš rozděleny úzkým proužkem postgenálního můstku. Evoluce znaku v této analýze velmi dobře koreluje s fylogenetickou hypotézou založené na molekulárních znacích a analýza v tomto případě vykazuje také vysoké hodnoty RI a CI.

Znak 15 – Střední proužek postgenálního můstku, dosáhl pouze nízkých hodnot RI a CI. Uvnitř tribu *Microdontomerini* jsou vykazovány všechny stavy znaku. V outgroupu tribu *Microdontomerini* jsou u zkoumaných taxonů vykazovány pouze stavy (0) - proužek úzký a pokrývá pouze malou plochu horní části postgenálního můstku, a (1) - proužek široký a pokrývá nejméně třetinu plochy horní části postgenálního můstku, ale to neznamena, že při vyšším samplingu bychom na stav znaku (2) – proužek úzký a vnořený do rýhy vzniklé v horní části postgenálního můstku, nenarazili.

Znak 18 - Skulptura dorsální části mesonota, je dobře použitelný pro identifikaci rodu *Erimerus* a kládu *Adontomerus* + *I. arcus* (Obr. 26). Ve zkoumaném datasetu pouze tyto dva klády vykazovaly stav (1) - mesonotum matné, hrubě skulpturované s mnoha sětami. Ostatní taxony vykazovaly stav (0) - mesonotum lesklé, s jemnou skulpturou a relativně málo sětami. Díky tomu je analýza distribuce znaku 18, vzhledem k jiným znakům, podpořena nadprůměrnými hodnotami RI a CI.

Znak 19 – Skulptura propodea, (Obr. 27) dosáhl v analýze distribuce znaků pouze nízkých hodnot RI a CI. Pro tento znak bylo stanoveno 8 různých stavů a jejich variabilní distribuce na fylogramu si zasluhuje podrobnější rozbor, kterému je dán prostor v diskuzi.

V analýze distribuce znaku 21 – Tvar prosterna, je u zkoumaných taxonů velmi široce sdílen stav (0) – pětiúhlé prosternum. Stav (1) – čtyřúhlé-kosočtverečné, vykazuje v tribu *Microdontomerini* pouze *Eridontomerus laticornis* a v outgroupu tribu *Microdontomerini* pouze zástupci rodů *Monodontomerus* a *Podagrion*. Analýza distribuce znaku 21 vykazuje velmi nízké hodnoty RI a CI.

Pro znak 25 – Počet unkálních sensil na unku stigmální žilky, je široce sdílený stav (1) – čtyři. V rámci zkoumaných taxonů pouze jednotlivci z rodů *Eridontomerus*, *Ditropinotus*, *Adontomerus* a *Idiomacromerus* vykazují stav (0) – tři. Zástupce rodu *Exopristoides* pak stav (2) – pět. Hodnoty RI a CI jsou velmi nízké.

Character: 14 Tvar hypostomálních rýh

Parsimony reconstruction

R.I.: 0.83333333

C.I.: 0.66666667

□ 0- Po celém obvodu

■ 1- Paralelní

● 2- Chybí v 1/3



Obr. 25: Výsledek mapování distribuce znaku 14 (Tvar hypostomálních rýh) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.

**Character: 18 Skulptura
dorsální části mesonota**

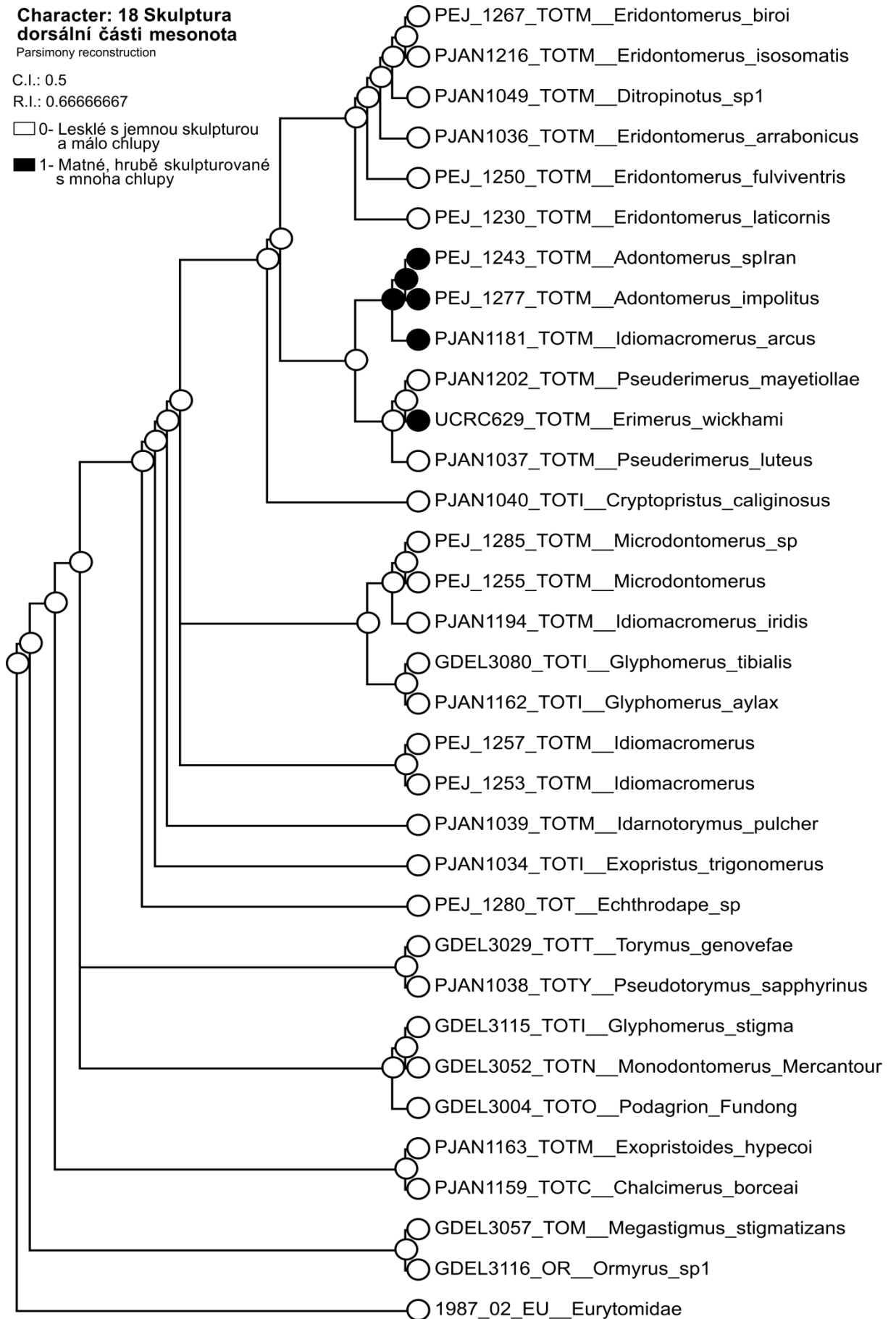
Parsimony reconstruction

C.I.: 0.5

R.I.: 0.66666667

□ 0- Lesklé s jemnou skulpturou
a málo chlupy

■ 1- Matně, hrubě skulpturované
s mnoha chlupy



Obr. 26: Výsledek mapování distribuce znaku 18 (Skulptura dorsální části mesonota) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.

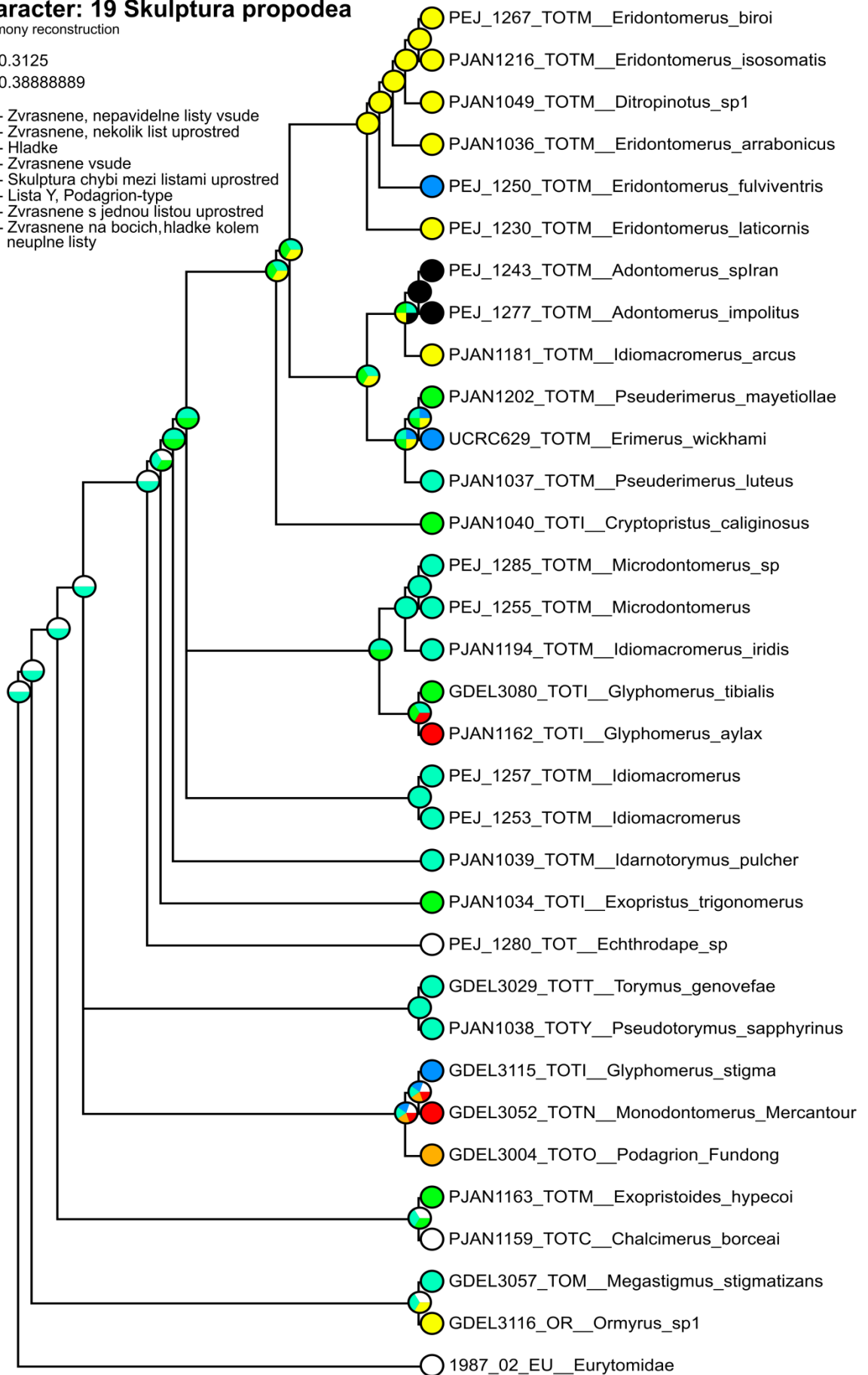
Character: 19 Skulptura propodea

Parsimony reconstruction

R.I.: 0.3125

C.I.: 0.38888889

- 0- Zvrasnene, nepavidelne listy vsude
- 1- Zvrasnene, nekolik list uprostred
- 2- Hladke
- 3- Zvrasnene vsude
- 4- Skulptura chybi mezi listami uprostred
- 5- Lista Y, Podagrion-type
- 6- Zvrasnene s jednou listou uprostred
- 7- Zvrasnene na bocich, hladke kolem neuplne listy



Obr. 27: Výsledek mapování distribuce znaku 19 (Skulptura propodea) na topologii morfologického stromu v programu Mesquite v2.75 při použití metody Maximální parsimonie.

Znak 26 - Výběžek na vnější straně kyčle zadní nohy, tzv. „processus“, dosáhl v analýze distribuce pouze nízkých hodnot RI a CI. Stav (1) – malý, nepatrný, vykazovala většina taxonů zkoumaných v tribu Microdontomerini. Stav (0) – veliký, listovitého tvaru, pak vykazovaly rody *Cryptopristus*, *Ditropinotus*, *Echthrodape* a oba klády rodu *Glyphomerus*. Metoda maximální parsimonie určila pro tribus Microdontomerini jako plesiomorfii stav (0).

Pro tribus Microdontomerini je u znaku 30 – Bazální zub na tarsálním drápeku zadní nohy, pravděpodobně plesiomorfii stav (1) – drápek bez bazálního zubu. Stav (0) - drápek s bazálním zubem, vykazuje v tribu Microdontomerini ze zkoumaných taxonů pouze korunový klád obsahující zástupce *Eridontomerus arrabonicus*, *E. biroii*, *E. isosomatis* a *Ditropinotus* sp1. V outgroupu tribu Microdontomerini vykazují zkoumané taxony oba stavy znaku. Za zmínku stojí *Glyphomerus stigma* vykazující stav (0).

Posledním znakem, který byl podroben analýze distribuce pomocí metody maximální parsimonie, je znak 32 - Počet sít na zadečkovém petiolu. Hodnoty RI a CI byly v této analýze poměrně nízké. Stavy znaku byly rozděleny přesně podle počtu sít. V tribu Microdontomerini se počet sít pohyboval v rozmezí 1-6. Nejvíce sít bylo u zkoumaných jedinců napočítáno jedinci z outgroupu tribu Microdontomerini *Glyphomerus stigma* (8).

Analýzu distribuce všech morfologických znaků je možné podrobně prozkoumat, pokud se do programu Mesquite v2.75 (Maddison & Maddison 2011) nahraje soubor *Morfologické_mapy* dostupný na webové adrese úložiště GoogleDrive: <https://drive.google.com/folderview?id=0B45NiOaChIjyZIJSSDdfdFhNcWc&usp=sharing> ;

Program Mesquite v2.75 i soubor *Morfologické_mapy* jsou samozřejmě také součástí elektronické přílohy této práce.

6. Diskuze

Výsledný fylogenetický strom (Obr. 11, 12, 13) prezentuje velmi přesvědčivě některé zajímavé výsledky. Ani v jedné molekulární analýze se podčeď Toryminae nespojila do společného kládu se zástupci podčeďi Megastigminae. Výsledky naopak odpovídají předešlým hypotézám (Gómez et al. 2008; Munro et al. 2011; Janšta 2014), že podčeď Megastigminae je blíže příbuzná čeďi Ormyridae než podčeďi Toryminae. Tyto poznatky ovšem nemohu prezentovat nikterak přesvědčivě, poněvadž soubor zkoumaných taxonů z podčeďi Megastigminae a ostatních podčeďí mimo Toryminae není dostatečně veliký.

Podčeď Toryminae vyšla monofyleticky ve všech mých analýzách, ačkoli v analýzách RAxML bez podpory. Vzhledem k výsledné posteriorní pravděpodobnosti v nodu 1 bych mohl souhlasit se zařazením rodů *Exopristoides* a *Thaumatorymus* do společného tribu s rodem *Chalcimerus* a s topologií $(Thaumatorymus) + (Chalcimerus + Exopristoides)$ podle Janšty (2014). Je však potřeba si přiznat, že ani pro takovýto závěr není soubor taxonů ze všech tribů, kromě tribu Microdontomerini, dostatečný.

Topologické členění ostatních tribů v podčeďi Toryminae, s výjimkou tribu Microdontomerini (sensu Janšta 2014.), je v mých analýzách nepřesvědčivé. Rod *Palmon* sice velmi pravděpodobně patří do tribu Podagrionini, ovšem další vztahy tribu Podagrionini a Palachiini jsou nerozlišené. Vcelku dobrou podporu mohu konstatovat pro tribus Glyphomerini (sensu Janšta 2014), který je v mé analýze zastoupen pěti zástupci rodu *Glyphomerus*. Další vztahy kládu 3 k ostatním tribům, jako je například Janštou (2014) navržený sesterský vztah k tribu Microdontomerini, však v mé analýze absolutně nelze podpořit. Recentně popsáný rod *Chileana* (Janšta et al. 2013) se v mé analýze usadil v tribu Monodontomerini, který se zdá býti monofylem, ač zastoupený pouze třemi jedinci. Výsledný fylogram je sice možné v rámci podčeďi Toryminae porovnat s hypotézami ostatních autorů, ale je třeba mít na paměti nedostatečný sampling mimo tribus Microdontomerini.

Monofyletičnost kládu vystupujícího z nodu 4, nadále označovaného jako Microdontomerini je však velmi dobře podpořená nejen hodnotami PP a BP, ale i dostatečným souborem druhů v outgroupu, stejně jako jsou na výsledném fylogramu vysokými hodnotami PP a BP podpořeny jednotlivé korunové klády.

Oproti Grissellovi (1995) nabízí moje analýza mnoho zajímavých rozdílů ale i shod. Například, moje výsledky odpovídají tvrzení, že podčeleď Megastigminae má apex clypea (znak 1) ve stavu (0), což pro podčeleď Toryminae neplatí. Ovšem Grissell (1995) chápe podčeleď Megastigminae jako sesterskou podčeleď Toryminae.

Předně se však moje analýza liší v rodech obsažených v tribu Microdontomerini. Do tribu Microdontomerini jsem oproti Grissellovi (1995) přiřadil navíc rody *Cryptopristus*, *Exopristus*, *Echthrodape* a část rodu *Glyphomerus*. Protože je rod *Zophodetus* znám pouze z paleontologického záznamu, nemohl jsem ho do molekulární analýzy zařadit a nezabývám se jím stejně jako rodem *Ophiopinotus*. Ostatní rody tribu Microdontomerini jsou shodné v obou analýzách.

Grissell (1995) postuloval pro tribus Microdontomerini sdílení několika stavů znaků. Naměřené hodnoty ukazují, že marginální žilka je v rámci tribu Microdontomerini vždy delší než žilka postmarginální. Grissell (1995) postuluje poměr MŽ/PŽ 1,5 až 2,5, (což by přibližně odpovídalo stavům (1) a (2)), avšak v této práci bych uvedl spíše poměr MŽ/PŽ více než 1, tedy stavy (1,2). Pouze v rodu *Echthrodape* (3) byl poměr více než 3, ale tento rod nebyl Grissellem (1995) do tribu Microdontomerini zahrnut.

Dále pak Grissell (1995) uvádí absenci nebo slabou přítomnost okcipitální rýhy, což by v mé analýze odpovídalo stavům (2,3). Kromě rodů *Cryptopristus* (0) a *Echthrodape* (0), které Grissell (1995) do tribu Microdontomerini nezahrnuje, konstatuji přítomnost okcipitální rýhy ve stavu (0) také pro dva zástupce rodu *Eridontomerus*. Ostatní rody tribu Microdontomerini vykazují stavy (2,3), což by odpovídalo popisu: Chybí nebo je přítomna slabě pouze okolo dorsální části okcipitálního otvoru (Grissell 1995).

V této práci je pozorována přítomnost „micropilosity area“ (znak 8) na ventru samičího tykadla u většiny zástupců tribu Microdontomerini. Pokud je „micropilosity area“ přítomna, pak se jedná vždy o stav (1), což by vysvětlovalo, proč Grissell (1995) tento stav znaku přehlídí. Je totiž dobře patrný až při použití SEM na rozdíl od stavu (2), který je dobře rozlišitelný i pod kvalitním stereomikroskopem. Podle mých výsledků by tak přítomnost „micropilosity area“ na ventru třetího a druhého paličkového článku mohla být plesiomorfním stavem pro tribus Microdontomerini. Bohužel nemám potřebnou informaci pro rod *Echthrodape* a nemohu to tedy tvrdit věrohodně.

Dále s Grissellem (1995) souhlasím, že pro tribus Microdontomerini jsou typické a plesiomorfní stavy znaků 27 (1) a 28 (0), tedy 2 ostruhy na apexu holeně zadní nohy a rovný apex holeně zadní nohy.

Naopak nesouhlasím, že většina zástupců tribu Microdontomerini má jednoduché, nezvětšené stehno zadní nohy, 29 (0). Opět bych to přiřknul využití SEM při deskripci stavů znaků, protože podle mých výsledků vykazuje většina zástupců stav (2), tedy zvlněný okraj stehna, často však nezřetelně při pozorování pod binokulární lupou. Stav (0,1,2), které Grissell (1995) pro tribus Microdontomerini uvádí, nenalezneme u rodů *Cryptopristus* (3), *Echthrodape* (3) a *Exopristus* (4). Stehno s velkými zuby (5) Grissell (1995) uvádí jen pro rod *Idarnotorymus*, s čímž souhlasím, ale stejný stav podle mě vykazuje i *Eridontomerus biroi* (5).

Posledním znakem, který budu diskutovat ve spojitosti se znaky definujícími tribus Microdontomerini, je znak 31 – Tvarování tergítů na dorsu zadečku. Podle Grissella (1995) nejsou u zástupců tribu Microdontomerini tergity výrazně vykrojeny nebo s patrnými zářezy. Jedinou výjimku zmiňuje pro zadeček samičky rodu *Idarnotorymus*, který je nejen se zářezy, ale také výrazně protažený. Pokud pro takový popis mohu brát jako ekvivalentní stav (0,1,2), pak s Grissellem (1995) víceméně souhlasím, včetně modifikace u rodu *Idarnotorymus*. U rodů *Exopristus* (2) a *Cryptopristus* (2) jsou sice patrné výraznější zářezy, avšak mezi stavy, které jsem si stanovil jako ekvivalentní, patří. Jedinou výjimku z Grissellovi (1995) definice bych tak pozoroval u jedince *Adontomerus* spIran (5). Celému tribu Microdontomerini však Grissellův (1995) popis víceméně odpovídá.

Nakonec bych zmínil podporu tribu Microdontomerini, kterou nacházejí Gómez et al. (2008) ve sdílení některých morfologických znaků u larválních stádií zástupců rodů *Adontomerus* a *Idiomacromerus*.

Tedy, podle mých pozorování bych tribus Microdontomerini rozpoznával především pomocí kombinace stavů znaků 14 (2), hypostomální rýhy vytrácející se v horní třetině hypostomálního můstku, 10 (2 někdy 1), sulky vždy přítomny a většinou vybíhající kolem okcipitálního otvoru až k horním posttentoriálním jamkám, 20 (0), architektura metasterna ve stavu „Crypto“, 23 (1, někdy 2 výjimečně 3), marginální žilka vždy delší než žilka postmarginální, většinou 1x až 2x delší a 28 (0), rovného apexu holeně zadní nohy.

Stav znaku 14 sdílí v mé analýze tribus Microdontomerini pouze se zástupcem rodu *Pseudotorymus*, stav znaku 10 (2) pouze s *Glyphomerus stigma*, stav znaku 20 (0) je bohužel sdílen více taxony, ale vykazují ho všichni zástupci tribu Microdontomerini zkoumaní v této analýze a podobné je to u znaku 23 a 28.

Nyní se zaměřím na diskuzi jednotlivých rodů především v tribu *Microdontomerini*, avšak začnu nejprve rody rozdělenými mezi dva různé triby.

Grissell (1995) synonymizuje rody *Exopristus* a *Exopristoides* na základě apomorfního tvaru stehna zadní nohy, bazálně mírně prohnuté holeně zadní nohy a křídelní žilnatiny „petromalid-like“. Neuznává argumenty Boučka (1982), který rod *Exopristoides* popsál. Boučka (1982) naopak podporuje Zerova et al. (2004). Porovnáám tedy jednotlivé argumenty s mou analýzou. Podporu pro synonymizování rodu *Exopristoides* s rodem *Exopristus* bych nehledal ve tvaru stehna zadní nohy (znak 29) kde pozoruji stavy *Exopristoides* (5) a *Exopristus* (4). Naopak souhlasím s Grissellem (1995), že oba rody sdílejí bazálně mírně prohnutou holeně zadní nohy, což jsem porovnal z obrazových záznamů pořízených pomocí SEM. Stejně tak ze svých výsledků souhlasím, že oba rody mají podobnou křídelní žilnatinu. Dále bych uvedl, že oba rody sdílejí znaky mimo jiné 9(2), 11(1), 15(1), 19 (3) tedy vykazují stejný stav okcipitální rýhy, mají paralelní sulky spodních posttentoriálních rýh, široký proužek postgenálního můstku a mají podobně zvrásněné propodeum. Proti sjednocení rodů *Exopristus* a *Exopristoides* uvádím především rozdílné tvary prvního funikulárního článku (znak 6), protože stav (0) je v mé analýze synapomorfií kládu *Exopristoides* + *Chalcimerus*. Dále rozdílné tvary hypostomálních rýh (znak 14) a přítomnost výběžku na kyčli zadní nohy (znak 26) pouze u rodu *Exopristoides*. Souhlasím pak s Boučkem (1982) a autorkami Zerova et al. (2004), že oba rody se naopak liší tvary metasomálních tergítů a také absencí rozlišeného frena u rodu *Exopristus*, což je ale znak, který Grissell (1995) považuje za homoplazický, nicméně jeho absence je v mém datasetu široce rozšířena.

Nejpádňjším argumentem pro rozlišování rodu *Exopristus* a *Exopristoides* by však měla být provedená molekulární analýza, která řadí zástupce obou rodů do dvou vzdálených kládů.

Z analýzy molekulárních znaků je rovněž patrné, že rod *Glyphomerus* je parafyletický. Dělí se na dva klády, z nichž jeden se zdá býti sesterský rodu *Microdontomerus*. Grissell (1995) zmiňuje pro rod *Glyphomerus* přítomnost okcipitální rýhy, jednoduché stehno zadní nohy, 2 ostruhy na apexu holeně zadní nohy, 1 anellus a tergity bez výrazného vykrojení a zářezů. Gómez et al. (2008) nacházejí i na larvách druhů *Glyphomerus stigma* a *G. tibialis* znaky podporující tento rod a jeho příbuznost k tribu *Microdontomerini*. Znaky, které vcelku podporují koncept rodu *Glyphomerus* (sensu Grissell 1995) nalézám i ve své analýze. Předně jsou to znaky a stavy 10 (2), 26

(0), 29 (2) a 31 (0), tedy tvar spodních posttentoriálních jamek, přítomnost výběžku na kyčli zadní nohy, podobný tvar stehna zadní nohy a tergity bez výrazného vykrojení či zářezů. S Grissellem (1995) se tedy vcelku shodují, nicméně například znak 9 shledávám pro obě větve rodu *Glyphomerus* rozdílný. Podle mého názoru má *Glyphomerus stigma* přítomnou okcipitální rýhu ve stavu (4), což se rozhodně nedá považovat podobné stavu (2), který vykazují zástupci umístění v tribu Microdonomerini, označme je třeba *Glyphomerus*-like gen. nov. Oba klády pak shledávám rozdílnými ještě například na základě znaků 1, 14 a 30. *Glyphomerus stigma* vykazuje apex clypea rovný („straight“), hypostomální rýhy po celém obvodu hypostomálního můstku a přítomný bazální zub na tarsálním dráčku zadní nohy. Oproti tomu druhy *Glyphomerus*-like gen. nov. mají, kromě okcipitální rýhy ve stavu (2), společný mírně vychlípený apex clypea („convex“), hypostomální rýhy vytrácející se v horní třetině hypostomálního můstku a chybějící bazální zub na tarsálním dráčku zadní nohy.

V tribu Microdonomerini se v nejhlubší divergenci odděluje rod *Echthrodape*. V tribu Microdonomerini se vyznačuje například Vyšším počtem MPS na druhém funikulárním článku, 7 (0), jasně rozlišitelným frenem, 17 (0), specifickou skulpturou propodea, 19 (0) a poměrem MŽ/PŽ větším než 3, 23 (3). Znaky, kvůli kterým nebyl zařazen Grissellem (1995) do tribu Microdonomerini jsou diskutovány výše.

V dnešní době jsou známy druhy rodu *Echthrodape* z Austrálie, Madagaskaru, Papuy Nové Guiney a Keni. (Bouček 1988; Grissell 1995; Janšta 2014). To vznáší oprávněnou otázku, kde tribus Microdonomerini vznikl. V analýze distribuce znaku 35 – Rozšíření, sice metoda maximální parsimonie vybrala stav (0), tedy palearktickou oblast, ale zdali zde vznikl rod *Echthrodape* i celý tribus Microdonomerini je přesto otázkou. I podle délky větve na výsledném fylogramu můžeme soudit, že evoluce v tomto rodu probíhá odděleně již delší dobu. Samotný rod se svou kombinací znaků dost liší od ostatních rodů tribu Microdonomerini a mohlo by to být způsobeno například adaptacemi na úplně jiné hostitelské organismy v jiném areálu. Bohužel v analýze distribuce znaku 34 – Hostitel, nejsou stavy znaků dostatečně rozlišeny a z tohoto znaku tak nelze pro tribus Microdonomerini nic usuzovat.

Rodem *Exopristus* a jeho kombinací znaků jsem se již zabýval a přeskočím tak rovnou na hodnocení rodu *Idarnotorymus*. Ten se podle Grissella (1995) vyznačuje výraznými zuby na stehnu zadní nohy a oproti rodům *Eridontomerus* a *Ditropinotus*

navíc nemá propodeum zvrásněné žádnou lištou. Tomu přesně odpovídají i mnou zaznamenané stavy znaků 29 (5) a 19 (2). Grissell (1995) diskutuje možnou příbuznost rodů *Ditropinotus*, *Eridontomerus* a *Idarnotorymus*. Jako podporu pro svou hypotézu uvádí ozubené stehno zadní nohy, které pokládá za stav předcházející stavu zvlněného okraje stehna. Pravdou je, že v mé analýze by se ve spojeném kládu *Idarnotorymus* + (*Eridontomerus* + *Ditropinotus*), jak ho prezentuje Grissell (1995), vyskytoval nejprve stav znaku „bigteeth“, dále by se redukoval na stav „serrate“ a u druhu *E. biroi* by zase přešel do stavu „bigteeth“. Nicméně s touto hypotézou nesouhlasím.

O modifikovaném zadečku u samiček jsem se již zmiňoval výše při hodnocení znaků typických pro tribus Microdontomerini. Navíc mohu jako znak pro rod *Idarnotorymus* zmínit už jen absolutní absenci okcipitální rýhy, 9 (3), které se věnuji více v rozboru rodu *Microdontomerus* níže a spodní část postgenálního můstku stejně širokou jako vrchní část, 13 (0).

Pozice na stromech ve finálních analýzách se pro rod *Idarnotorymus* velmi lišila při použití algoritmu RAxML a algoritmu MrBayes. Jako věrohodnější vnímám pozici rodu *Idarnotorymus* zobrazenou na finálním fylogramu, ale ve výpočtech pomocí algoritmu RAxML se rod jevil jako sesterský rodu *Cryptopristus*, i když v podstatě bez podpory hodnot BP. Vytvoření kládu *Cryptopristus* + *Idarnotorymus* by navíc mohly podpořit sdílené stavy znaků 10 (1) a 11 (2). Oba rody mají totiž přítomny sulky spodních posttentoriálních jamek, avšak oproti ostatním zástupcům tribu Microdontomerini (výjimkou je zástupce *Microdontomerus_sp*) mají zkoumaní zástupci rodů *Cryptopristus* a *Idarnotorymus* tyto sulky kratší. Navíc by pro tento klád mohl hovořit i mírně vychlípený apex clypea, 1 (3).

Kombinací ostatních znaků však nijak tyto dva rody v tribu Microdontomerini nijak nevybočují a já jsem přesvědčen, že skutečná pozice rodu *Idarnotorymus* je velmi blízko té, kterou prezentuji na výsledném fylogramu.

Jako zajímavý mi rozhodně připadá klád 15 na výsledném fylogramu (Obr. 12). Nachází se v něm rody *Microdontomerus* a *Glyphomerus-like* gen. nov. Rod *Microdontomerus* by byl ve všech analýzách monofyletický, kdyby se v něm nenacházeli zástupci rodu *Idiomacromerus* a kdyby se jeden zástupce rodu *Microdontomerus* naopak nevyskytoval uvnitř rodu *Idiomacromerus*. Na základě zkoumání mohu tvrdit, že všichni zástupci rodu *Idiomacromerus* zahrnutí v analýze distribuce morfologických znaků vždy vykazují alespoň částečně přítomnost okcipitální

rýhy, přinejmenším v podobě jemné linie, těžko odlišitelné od okolní struktury. Tedy někteří zástupci rodu *Idiomacromerus* sice vykazují stav znaku 9(3), ale okcipitální rýha nechybí zcela. Naopak naprosto chybějící okcipitální rýhu bych na základě zkoumání přiřknul ještě rodům *Idarnotorymus*, *Ditropinotus* a zástupci *Idiomacromerus iridis*.

Ve světle výše zmíněných skutečností jsem přesvědčen, že by zástupci *Idiomacromerus iridis* měli být přesunuti do rodu *Microdontomerus*. Mé přesvědčení pak navíc podporuje analýza distribuce znaku 24, kdy rod *Microdontomerus* včetně zástupce *Idiomacromerus iridis* vyazuje stav (0), délka SŽ maximálně polovina PŽ, a zbylí zástupci rodu *Idiomacromerus* vykazují stav (1), délka SŽ více než polovina délky PŽ. Bohužel jsem neměl možnost prozkoumat jedince rodu *Microdontomerus* nalézajícího se v molekulárních analýzách uvnitř rodu *Idiomacromerus*, ale nepochybuji, že by se našly znaky, odlišující ho od zbytku rodu *Microdontomerus*, a naopak znaky, které by ho přiřadily do rodu *Idiomacromerus*.

Věřím, že po důkladné revizi všech jedinců zastoupených v molekulární analýze by se rod *Microdontomerus* jevil bez pochyby jako monofyletický.

Rod *Glyphomerus*-like gen. nov. v kládu 9 se ve všech molekulárních analýzách jevil jako sesterský kládu 10, ve kterém je umístěn rod *Microdontomerus*, jak jsem vysvětlil v předchozích 3 odstavcích. Protože jsem se rodu *Glyphomerus* již podrobně věnoval výše, nebudu jej dále popisovat. Chci zde jenom podotknout, že pro klád 15 jsem nenašel žádný společný znak vymezující ho v rámci tribu Microdontomerini. Jediná podpora pro klád 15, kterou zde mohu uvést jsou hodnoty PP = 0,99 a BP = 79.

Rod *Cryptoprismus* patřil ve všech molekulárních analýzách do tribu Microdontomerini. Byl v nich zastoupen třemi jedinci a podpora kládu 11 (Obr. 13), kde je tento rod umístěn, je velmi dobrá (1/100). Zkoumaný jedinec rodu *Cryptoprismus* se v rámci tribu Microdontomerini vyznačoval následující unikátní kombinací stavů znaků: 7 (1), 9 (0), 10 (1), 19 (3), 26 (0) a 29 (3). Eventuální příbuznost s rodem *Idarnotorymus* je diskutována výše.

Klád 12 je společný rodům *Erimerus* a *Pseuderimerus* (Obr. 13). Je otázka, zda bychom měli tyto dva rody rozlišovat. Rod *Erimerus*, který je monotypický, tj. s jediným doposud popsáným druhem *E. wickhami* (Crawford 1914) vychází ve všech molekulárních analýzách jako rod vnitřní rodu *Pseuderimerus* a ten tak činí parafyletickým. Na základě morfologických znaků chápu, že jsou tyto dva rody rozlišovány, protože pro synonymizování těchto rodů hovoří v mé analýze jednoznačně

pouze znaky 27 (0) a 33 (1), což jsou v rámci tribu Microdantomerini jednoznačné autapomorfie kládu 12. I Grissell (1995) uvádí jedinou ostruhu jako společný znak těchto rodů.

Dále uvádím i znaky, které v mé analýze hovoří pro dělení kládu 12 na dva samostatné rody *Erimerus* a *Pseuderimerus*. Těmi jsou především znaky 7, 15 a 18, ale navíc mohu uvést znaky 4 a 32. Rod *Erimerus* se tedy od rodu *Pseuderimerus* liší především dvěma řadami MPS na F2, širokým proužkem postgenálního můstku a hrubou skulpturou mesonota s mnoha sětami.. Navíc je u rodu *Erimerus* první anellus na bázi bičíku samičího tykadla spíše čtvercový až delší než široký a na petiolu zadečku nese z jedné strany 3 sěty, zatímco u zkoumaných jedinců rodu *Pseuderimerus* byly pozorovány sěty pouze 2. Pro rozlišení rodu *Erimerus* od rodu *Pseuderimerus* uvádí znak 4 také Grissell (1995)

Pokud bychom ale určovacími znaky rodu *Erimerus* stanovili jednoznačné autapomorfie 27 (0), jediná ostruha na apexu holeně zadní nohy, a 33 (1), přítomná špička na apexu paličky tykadla, pak bychom mohli s rodem *Erimerus* rod *Pseuderimerus* synonymizovat. Navíc by takovýto krok měl i jednoznačnou podporu molekulární analýzy.

Podobná situace jako v kládu 13 se nám objevuje i v kládu 14 (Obr. 13). I zde se podle výsledků molekulárních analýz nachází rod *Ditropinotus* uvnitř rodu *Eridontomerus*, čímž ho činí parafyletickým. Abych byl ohledně výsledků molekulárních analýz přesný, musím zmínit přítomnost zástupce *Eridontomerus bouceki* v rodu *Adontomerus*, což by činilo rod *Eridontomerus* přímo polyfiletickým. Zástupce *E. bouceki* jsem neměl možnost ve svých morfologických analýzách prozkoumat, ale z molekulárních analýz se dá předpokládat, že po revizi morfologických znaků by tento jedinec byl zařazen do rodu *Adontomerus*. Spojení rodů *Ditropinotus* a *Eridontomerus* do jediného by mohl podporovat znak 19. Zkoumaný jedinec *Eridontomerus fulviventris* byl samec a je tedy možné, že z tohoto důvodu jako jediný vykazuje odlišný stav znaku 19. Pro klád 14 se v mé analýze jako společný znak jeví skulptura propodea tvořená vrásněním v laterální části a hladká mezi dvěma anterio-posteriorními lištami, 19 (4). Současné dělení na dva různé rody podporuje velký listovitý výběžek na kyčli zadní nohy u zkoumaného zástupce *Ditropinotus aureoviridis*, který u zástupců rodu *Eridontomerus* chybí. Analýza molekulárních dat však jednoznačně podporuje sloučení do společného rodu *Eridontomerus*.

V kládu 13 se na výsledném fylogramu (Obr. 13) umístili zástupci rodu *Adontomerus* s jedním zástupcem rodu *Eridontomerus*, o kterém jsem se již zmínil. Grissell (1995) uvádí pro rod *Adontomerus* jako společné znaky jednoduché nebo mírně ztloustlé stehno zadní nohy, dorsálně přítomnou okcipitální rýhu, vykrojované tergity a jediný anellus na bázi bičíku samičího tykadla. V mé analýze se u zkoumaných taxonů s Grissellem (1995) shodují stavy znaků 29, 9 a 31. Nemohu souhlasit pouze se znakem 5, ačkoli právě počet anelli Grissell (1995) diskutuje jako znak nespolehlivý. Pro podporu rodu *Adontomerus* mohu navíc uvést rovný apex clypea, 1 (2), úzký střední proužek postgenálního můstku, 15 (0), hrubě skulpturované dorsum mesonota s mnoha sětami, 18 (1), a propodeum se skulpturou v laterálních částech, ale hladké uprostřed kolem neúplné anterio-posteriorní lišty, 19 (7).

Posledním rodem, který zbývá v tribu Microdntomerini zhodnotit, je rod *Idiomacromerus*. Grissell (1995) ho hodnotí jako těžko rozpoznatelný v tribu Microdntomerini a velmi podobný rodu *Microdntomerus*, což jsem již také nastínil výše. Do rodu *Idiomacromerus* se tak zřejmě zařazují nové druhy pro tribus Microdntomerini, které neodpovídají popisům ostatních rodů v tribu. Není proto ani příliš překvapivé, že ve všech molekulárních analýzách byl rod *Idiomacromerus* polyfyletický. Pokud neuvažuji zástupce *Idiomacromerus iridis* a *Microdntomerus* sp., které jsem zmínil při diskuzi fylogeneze rodu *Microdntomerus*, pak se v molekulárních analýzách dělí rod *Idiomacromerus* do čtyř kládů (Obr. 12, 13). V nodu 18 se odštěpuje s dobrou podporou (0,99/69) zástupce chycený ve středomořské oblasti. V Nodu 16 se pak oddělují dva zástupci v dobře podpořeném kládu (0,99/100), taktéž ze středomořské oblasti. Tyto jedince (PJAN1149, PJAN1165, PJAN1182) jsem nemohl morfologicky zkoumat a pokud je tedy z dalších úvah vyloučím, zbývají mi pro analýzu distribuce morfologických znaků dva klády rodu *Idiomacromerus*. V kládu 8 je umístěn typový druh rodu *Idiomacromerus* a kládu, který je sesterský rodu *Adontomerus*, tak můžeme říkat *Idiomacromerus*-like gen. nov. Znaky, které oba dva klády rodu *Idiomacromerus* sjednocují, jsou především proužek postgenálního můstku uzavřený do vzniklé rýhy a vykrojené tergity Mt2-3. Zmínit mohu i mírně vychlípený apex clypea, 1 (3), a dva anelli na bázi bičíku samičího tykadla, 5 (1).

Podle výsledků analýzy distribuce morfologických znaků však mohu usuzovat, že skutečnost odpovídá spíše molekulární analýze a *Idiomacromerus*-like gen. nov. je pravděpodobně sesterský rodu *Adontomerus*. To u zkoumaných druhů podporují sdílené

znaky 1 (2), 9 (2) a 18 (1), které jsem již zmínil pro rod *Adontomerus*. Pokud však *Idiomacromerus*-like gen. nov. nehodláme zařadit do rodu *Adontomerus*, můžeme se opřít o následující kombinaci znaků pro zkoumaného zástupce *Idiomacromerus*-like gen. nov.: 8 (0), 12 (1), 15 (2), 19 (4), 23 (2) a 29 (2), tedy „micropilosity area“ na paličce samičího tykadla chybí, spodní část postgenálního můstku není ve stejné rovině s horní částí postgenálního můstku, střední proužek postgenálního můstku je úzký a vnořený do vzniklé rýhy, propodeum je skulpturované v laterální části a ale mezi antero-posteriorními lištami je hladké, poměr MŽ/PŽ je větší než u rodu *Adontomerus* a nakonec stehno zadní nohy má okraj zvlněný na rozdíl od rodu *Adontomerus*, kde je stehno jednoduché nebo mírně ztloustlé.

V poslední části diskuze se chci zaměřit na některé znaky, které byly v analýze distribuce znaků rovněž vyhodnoceny. Prvně zmíním znaky 34 – Hostitel a 35 – Geografické rozšíření (oba Obr. 15). Přiznávám, že znaky byly do analýzy přidány na poslední chvíli a variabilita stavů znaků 34 a 35 nemůže postihnout skutečnou variabilitu hostitelských organismů či areálů výskytu zkoumaných druhů. Z obrázku 15 by se například mohlo zdát, že všichni zástupci tribu *Microdontomerini* jsou parazitoidi blanokřídlého hmyzu a hálkotvorného hmyzu, ale například *Idiomacromerus gregarius* parazituje na pupariích řasníků rodu *Mengenilla* a někteří zástupci rodu *Microdontomerus* parazitují na vajíčkách kudlanek (Mantodea), či larvách brouků z čeledi krascovitých (Coleoptera: Buprestidae) (Grissell 1995).

Ačkoli je původní rozšíření tribu *Microdontomerini* nejspíše v palearktické oblasti, současné rozšíření je celosvětové. Grissell (1995) například také uvádí, že rody *Ditropinotus* a *Eridontomerus* byly z palearktické oblasti nejspíš introdukovány spolu s pšenicí do Severní ameriky. Rod *Microdontomerus* pak vykazuje rozšíření vskutku celosvětové

Aby byla tato variabilita v analýze distribuce znaků řádně zohledněna, musel by se nejspíš zvýšit i soubor zkoumaných druhů.

Znak 1- Tvar apexu clypea, je Grissellem (1995) používám pro rozlišení podčeledí *Megastigminae* a *Toryminae*, které chápe jako sesterské v čeledi *Torymidae*. Všichni zástupci podčeledi *Toryminae* zkoumaní v analýze tohoto znaku, kromě zástupce rodu *Podagrion* (5), vykazovali stavy znaku (2) nebo (3), tedy přímý „straight“ nebo vychlípený „convex“. Naopak všichni zkoumaní zástupci nepatřící do podčeledi

Toryminae vykazovali stav (0) „bilobed“. Kvůli nedostatečnému druhovému souboru mimo podčeď Toryminae však z těchto výsledků nelze dělat širší závěry.

Znak 2 – Pozice tykadlových „toruli“, byl převzat z práce Lotfalizadeh et al. (2007). Protože byl však určen pro zkoumání v čeledi Eurytomidae, ukázal se nakonec jako nedostatečně variabilní pro mnou zkoumané taxony. Rozdílný stav znaku vykazovali pouze jedinci z outgroupu podčeledi Toryminae (*Megastigmus* a Eurytomidae) a zástupce rodu *Podagrion*.

Znak 5 – Počet anelli na bázi bičíku samičího tykadla Grissell (1995) poměrně obsáhle diskutuje, zvláště pak problematiku stanovení stavů znaku počtu anelli na tykadle. Anellus je redukována flagellomera, na bázi bičíku („flagellum“) tykadla. Její definice ale není dostatečně ustálená, což Grissell (1995) podrobně shrnuje. Spolu s Boučkem (1978) si Grissell (1995) povšimnul občasného kolísajícího počtu anelli v rámci jednoho druhu. Jedná se tedy pravděpodobně o znak nestálý a evolučně málo vypovídající, což naznačují i nízké hodnoty retenčního a konzistenčního indexu v provedené analýze. Pro potřeby mé analýzy jsem anellus stanovil jako bazální redukovanou flagellomeru, která především nemá přítomny MPS (Heraty et al. 2013). Výsledek naznačuje, že plesiomorfním stavem podčeledi Toryminae i tribu Microdontomerini by mohl být jediný anellus na bázi bičíku samičího tykadla. Distribuce vyššího počtu anelli v tribu Microdontomerini se zdá být náhodná

Znak 8 – „Micropilosity area“ na paličce tykadla, byl nakonec oproti očekáváním široce přítomen v tribu Microdontomerini. Jak jsem již zmínil, Grissell (1995) postuloval absenci této struktury na paličce tykadla pro zástupce tribu Microdontomerini s výjimkou samců z rodu *Eridontomerus*. Díky zkoumání pomocí SEM jsem však zaznamenal redukovanou přítomnost této struktury na druhém a třetím paličkovém článku tykadla (1) u většiny zkoumaných zástupců tribu Microdontomerini. Absolutní absence „micropilosity area“ (0) byla v tribu Microdontomerini pozorována spíše sporadicky, naproti tomu přítomnost této struktury na celé ventrální straně paličky tykadla (2), jak ji zmiňuje Grissell (1995), opravdu nebyla v tribu Microdontomerini pozorována. Mimo tribus Microdontomerini vykazovali přítomnost „micropilosity area“ po celé ventrální straně tykadla ze zkoumaných jedinců pouze zástupce rodu *Pseudotorymus* a zástupce rodu *Podagrion*.

Znak 19 – Skulptura propodea, se zaměřil na značnou variabilitu (8 stavů) ve tvarování kutikuly na propodeu. Stavby znaku byly postupně popisovány s ohledem na pozorovanou variabilitu a pro některé skupiny jsou tak některé stavy typické. Například, pokud pomineme v rodu *Eridontomerus* zkoumaného jedince samčího pohlaví, pak je pro celý klád *Eridontomerus* + *Ditropinotus* společný stav se dvěma lištami uprostřed, mezi kterými je povrch hladký (4). Pro podobné rody *Microdontomerus* a *Idiomacromerus* je pak společné hladké propodeum (2), což je také důvod, proč bych do rodu *Idiomacromerus* neřadil druhy z kládu *Idiomacromerus*-ike gen. nov., kteří vykazují stav (4). Celkově je tento znak vhodný pro použití v kombinaci s dalšími znaky, které nevykazují podobně velikou variabilitu u příbuzných kládů.

Znak 22 – Úhel svírající stigmální žilka s žilkou postmarginální na předním křídle, je také převzat z práce Lotfalizadeh et al. (2007). Ačkoli vykazuje ve zkoumaném datasetu větší variabilitu než znak 2, pro tribus Microdontomerini jej neshledávám vhodným, protože distribuce stavu (1), SŽ a PŽ spolu svírají úhel menší než 30°, byla nahodilá a často rozdílná u zástupců jednoho rodu. Navíc se tento úhel špatně odhadoval, protože samotné křídlo bylo často pozorováno pod různými úhly a poznat v takovém případě, zdali je úhel svíraný dvěma žilkami méně než 30° či snad více než 35°, mi přijde skoro nemožné.

Znak 24 Poměr délek SŽ / PŽ, byl zkoumán ve spojitosti se znakem 23 – Poměr délek MŽ / PŽ, který zmiňuje i Grissell (1995). Cílem bylo určit porovnáním poměrů těchto délek jakýsi morfotyp žilnatiny předního křídla, jak jej uvádí například Grissell (1995). Nakonec se ale oba znaky vyhodnotily zvláště a s Grissellovou (1995) analýzou byl porovnám pouze poměr MŽ/PŽ.

Znak 29 – Tvar stehna zadní nohy, je v tribu Microdontomerini poměrně vhodným pro doplnění kombinace znaků určujících jednotlivé skupiny. Často jsou některé stavy sdíleny určitými skupinami a zároveň znak vykazuje dostatečnou variabilitu, aby mohl alespoň v porovnání s příbuznými klády vykazovat různé stavy..

7. Závěr

Tribus Microdromerini (sensu Grissell 1995) byl parafyletický ve všech molekulárních analýzách. Pokud však tribus Microdromerini chápeme jako soubor rodů *Adontomerus*, *Cryptopristus*, *Ditropinotus*, *Echthrodape*, *Eridontomerus*, *Erimerus*, *Exopristus*, *Idarnotorymus*, *Idiomacromerus*, *Microdromerus*, a konkrétní část rodu *Glyphomerus* (*Glyphomerus*-like gen. nov.) pak tento byl ve všech molekulárních analýzách monofyletický.

Rod *Glyphomerus* byl ve všech molekulárních analýzách polyfyletický a bude nutná jeho revize a rozdělení na dva rody, přičemž do nového rodu budou umístěny druhy sesterské, ve všech molekulárních analýzách, rodu *Microdromerus*.

Rod *Idiomacromerus* je v rámci tribu Microdromerini rozhodně polyfyletický. *I.iris* bude po revizi zařazen do rodu *Microdromerus*. Pro *I. arcus* bude nejspíš ustanoven nový rod stejně jako pro další jedince vyskytující se na fylogramu v kládech pod rodovým označením *Idiomacromerus* mimo klád rodu *Idiomacromerus*. Jedinec označený jako *Microdromerus*_sp v rodu *Idiomacromerus* bude revidován stejně jako jedinec *Eridontomerus bouceki* umístěný na fylogramu v rodu *Adontomerus*.

Rod *Ditropinotus* byl ve všech molekulárních analýzách vnitřním kládem rodu *Eridontomerus* stejně jako rod *Erimerus* byl ve všech molekulárních analýzách vnitřním kládem rodu *Pseudosimerus*.

Ve všech molekulárních analýzách netvořily rody *Exopristus* a *Exopristoides* monofyletickou skupinu a na rozdíl od Grissella (1995) je tak rozhodně lze považovat za dva různé rody.

Žádná, zde prezentovaná, molekulární analýza nepodpořila sesterský vztah tribů Microdromerini a Glyphomerini, jak navrhuje Janšta (2014). Naopak ve všech molekulárních analýzách se seskupil tribus Chalcimerini (*Exopristoides*, *Chalcimerus*, *Thaumatorymus*).

Ani v jedné molekulární analýze se nenašla podpora pro monofyletickou čeleď Torymidae, ačkoli to, vzhledem k malému samplingu skupin mimo podčeleď Toryminae, nelze tvrdit zcela věrohodně.

Analýza distribuce morfologických znaků na upraveném výsledném fylogramu nabourala koncept tribu Microdromerini, jak jej představil Grissell (1995). S většinou morfologických znaků, postulovaných Grissellem (1995) jako apomorfie rodů v tribu Microdromerini, však souhlasím.

Do tribu Microdontomerini jsou na základě molekulární fylogeneze nově zařazeny některé rody dříve v pozici *incertae sedis*, jako *Echthrodape*, *Exopristus*, *Cryptopristus* a část rodu *Glyphomerus*, které původní deskripci tribu neodpovídají.

Naopak se ale podařilo nalézt několik zajímavých sdílených znaků v tribu Microdontomerini, jako například hypostomální rýhy vytrácející se v horní třetině hypostomálního otvoru nebo třeba rozsáhle sdílenou přítomnost „micropilosity area“ na druhém a třetím paličkovém článku samičího tykadla.

V této práci se mi podařilo vytvořit velmi věrohodnou molekulární fylogenetickou hypotézu tribu Microdontomerini doplněnou o výčet sdílených morfologických znaků. Tuto hypotézu jsem porovnal s původní hypotézou Grissella (1995) podloženou morfologickými znaky a nakonec jsem zhodnotil i samotné morfologické znaky, na kterých byla původní hypotéza založena. Navíc se mi sledováním evoluce morfologických znaků podařilo najít i několik znaků sdílených v tribu Microdontomerini a zároveň nepříliš rozšířených mimo tento tribus.

8. Seznam literatury

- Abdul-Rassoul M. (2000) A new species of *Liodontomerus* Gah. from Iraq (Hymenoptera, Torymidae). *Bulletin of the Iraq Natural History Museum* **9**:1–4.
- Askew R. (1997) Two new species of *Idiomacromerus* Crawford (Hymenoptera, Chalcidoidea, Torymidae) from Spain. *Miscellanea Zoologica* (Barcelona) 1997:65–70.
- Askew R. (2000) Three new species of Microdontomerini (Hym., Chalcidoidea, Torymidae) from Spain and the Canary Islands. *Entomologist's Monthly Magazine* **136**:1628–31.
- Askew R., Gomez J., Nieves-Aldrey J. (2004) Species of Microdontomerini (Hymenoptera: Chalcidoidea: Torymidae) associated with galls of Cynipidae (Hymenoptera) in Europe. *Journal of Hymenoptera Research* **13**:214–222.
- Askew R., Gomez J., Nieves-Aldrey J. (2007) On the parasitoid community of *Aulacidea laurae* (Hym., Cynipidae), with description of a new species of *Adontomerus* (Hym., Torymidae). *Journal of Natural History* **41**:1765–1773.
- Bouček Z. (1976) On the mediterranean Podagrioninae, with description of a new *Iridophagoides* (Hym., Torymidae). *Entomologische Berichten* **36**:182–184.
- Bouček Z. (1978) A study of the non-podagrionine Torymidae with enlarged hind femora, with a key to the African genera (Hymenoptera). *Journal of the Entomological Society of Southern Africa* **41**:91–134.
- Bouček Z. (1982) Four new Mediterranean Torymidae (Hymenoptera). *Entomologist's Gazette* **33**:183–191.
- Bouček, Z. (1988), *Australasian Chalcidoidea (Hymenoptera). A biosystematic revision of genera of fourteen families, with a reclassification of species*. On page 517, pp 832, CAB International, Wallingford, Oxon, U.K., Cambrian News Ltd; Aberystwyth, Wales, 1988
- Bouček Z. (1998) A taxonomic revision of the species of Palachiini (Hymenoptera; Torymidae). *Journal of Natural History* **32**:217–262.
- Burks R.A., Redak R.A. (2004) New species of Pteromalidae and Torymidae (Hymenoptera : Chalcidoidea) from California, with taxonomic notes. *Zootaxa* **606**:1–20.
- Campbell B., Heraty J., Rasplus J- Y., Chan K., Steffen-Campbell J., Babcock C. (2000) Molecular systematics of the Chalcidoidea using 28S-D2 rDNA. *Hymenoptera evolution, biodiversity and biological control*, CSIRO Publishing, Collingwood, Australia., pp 59–71

- Cole J. (2009) Species Recognition Is Driving Evolution Of The Acoustic Mating System Of Shield Back Katydids (Orthoptera: Tettigoniidae: Aglaothorax): Behavioral And Phylogenetic Evidence. *Dissertation thesis* pp 111, University of Kansas
- Crawford J.C. (1907a) New hymenopterous parasites of *Anthonomus grandis* Boh. *Canadian Entomologist* **39**:133–134.
- Crawford J.C. (1907b) New North American Hymenoptera. *Journal of the New York Entomological Society* **15**:177–183.
- Crawford J.C. (1914) Notes on the chalcidoid family Callimomidae. *Proceedings of the Entomological Society of Washington* **1914**:122–126.
- Cruaud A. (2009) Structure Phylogenetique Et Biogeographie Des Communautés De Chalcidiens Sycophiles (Hymenoptera). *Thèse de Doctorat*, Université Montpellier II. pp 415
- Cruaud A., Jabbour-Zahab R., Genson G., Kjellberg F., Kobmoo N, van Noort S., Da-Rong Y., Yan-Qiong P., Ubaidillah R., Hanson P.E., Santos-Mattos O., Farache F.H.A., Pereira R.A.S., Kerdelhué C. and Rasplus J-Y. (2011) Phylogeny and evolution of life-history strategies in the Sycophaginae non-pollinating fig wasps (Hymenoptera, Chalcidoidea). *BMC Evolutionary Biology* **11**:178.
- Darriba D., Taboada GL., Doallo R., Posada D. (2012) jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* **9**:772–772.
- Doganlar O., Doganlar M. (2008) A new species of *Idarnotorymus* Masi, 1916 (Hymenoptera : Torymidae) from Turkey. *Turkish Journal Of Zoology* **32**:85–90.
- Farache F.H.A., Cruaud A., Genson G., Pereira R.A.S., Rasplus J-Y. (2013) Taxonomic revision and molecular phylogeny of the fig wasp genus *Anidarnes* Bouček, 1993 (Hymenoptera: Sycophaginae). *Systematic Entomology* **38**:14–34.
- Farris J.S. (1989) The Retention Index and the Rescaled Consistency Index. *Cladistics* **5**:417–419.
- Folmer O., Black M., Hoeh W., Lutz R., Vrijenhoek R. (1994) DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology* **3**:294–299.
- Gahan A.B. (1921) On the identity of several species of Chalcidoidea (Hymenoptera). *Proceedings of the Entomological Society of Washington* **22**:235–243.
- Gibson G.A.P., Heraty J., Woolley J.B. (1999) Phylogenetics and classification of Chalcidoidea and Mymarommatoidea — a review of current concepts (Hymenoptera, Apocrita). *Zoologica Scripta* **28**:87–124.

- Gómez J.F., Nieves-Aldrey J.L., Hernández Nieves M. (2008) Comparative morphology, biology and phylogeny of terminal-instar larvae of the European species of Toryminae (Hym., Chalcidoidea, Torymidae) parasitoids of gall wasps (Hym. Cynipidae). *Zoological Journal of the Linnean Society* **154**:676–721.
- Grissell E.E. (1995) Toryminae (Hymenoptera: Chalcidoidea: Torymidae): a redefinition, generic classification, and annotated world catalog of species. *Memoirs on Entomology International* 1–470.
- Grissell E.E. (2005) A review of North American species of *Microdontomerus* Crawford (Torymidae: Hymenoptera). *Journal of Hymenoptera Research* **14**:22–65.
- Harry M., Solignac M., Lachaise D. (1998) Molecular evidence for parallel evolution of adaptive syndromes in fig-breeding *Lissocephala* (Drosophilidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* **9**:542–551.
- Heraty J., Burks R.A., Cruaud A., Gibson G.A.P., Liljeblad J., Munro J., Rasplus J-Y., Delvare G., Janšta P., Gumovsky A., Huber J., Woolley J.B., Krogmann L., Heydon S., Polaszek A., Schmidt S., Darling D.C., Gates M.W., Mottern J., Murray E., Molin A.D., Triapitsyn S., Baur H., Pinto J.D., van Noort S., George J., Yoder M. (2013) A phylogenetic analysis of the megadiverse Chalcidoidea (Hymenoptera). *Cladistics* **29**:466–542.
- Heraty J., Darling D.C. (2009) Fossil Eucharitidae and Perilampidae (Hymenoptera: Chalcidoidea) from Baltic Amber. *Zootaxa* **2306**:1–16.
- Heraty J., Hawks D., Kostecki J.S., Carmichael A. (2004) Phylogeny and behaviour of the Gollumiellinae, a new subfamily of the ant-parasitic Eucharitidae (Hymenoptera : Chalcidoidea). *Systematic Entomology* **29**:544–559.
- Heraty J., Ronquist F., Carpenter J.M., Hawks D., Schulmeister S., Dowling A.P., Murray D., Munro J., Wheeler W.C., Schiff N., Sharkey M. (2011) Evolution of the hymenopteran megaradiation. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **60**:73–88.
- Janšta P. (2014) Phylogeny of parasitic wasps of Torymidae (Hymenoptera: Chalcidoidea) and evolution of their life-strategies. *Dissertation thesis*, pp 222 Praha, 2014
- Janšta P., Bouček Z. (2006) A new species of *Eridontomerus* with taxonomic and faunistic notes on some other taxa (Hymenoptera: Chalcidoidea: Torymidae). *Acta Entomologica Musei Nationalis Pragae* **46**:211–218.
- Janšta P., Křížková B., Vilímová J., Rasplus J-Y. (2013) Description of a new genus, *Chileana* (Hymenoptera: Chalcidoidea: Torymidae), with four new species. *Zootaxa* **3745**:49–63.
- Kluge A.G., Farris J.S. (1969) Quantitative Phyletics and the Evolution of Anurans. *Systematic Zoology* **18**:1–32.

- Lotfalizadeh H., Delvare G., Rasplus J-Y. (2007) Phylogenetic analysis of Eurytominae (Chalcidoidea: Eurytomidae) based on morphological characters. *Zoological Journal of the Linnean Society* **151**:441–510.
- Lunt D.H., Zhang D.X., Szymura J.M., Hewitt G.M. (1996) The insect cytochrome oxidase I gene: evolutionary patterns and conserved primers for phylogenetic studies. *Insect Molecular Biology* **5**:153–165.
- Maddison W.P., Maddison D.R. (2011) Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. Version 2.75. <http://mesquiteproject.org>.
- McKellar R.C., Engel M.S. (2012) Hymenoptera in Canadian Cretaceous amber (Insecta). *Cretaceous Research* **35**:258–279.
- Miller M.A., Pfeiffer W., Schwartz T. (2010) Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. *Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*, 2010. pp 1–8
- Morath S.U. (2007) Assessing genetic variation among *Bombus impatiens* (Hymenoptera: Apidae) in two boroughs of New York City using mitochondrial DNA. <http://www.biotechniques.org/students/2007/morath/paper>.
- Moreira D., von der Heyden S., Bass D., López-García P., Chao E., Cavalier-Smith T. (2007) Global eukaryote phylogeny: Combined small- and large-subunit ribosomal DNA trees support monophyly of Rhizaria, Retaria and Excavata. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **44**:255–266.
- Munro J.B., Heraty J.M., Burks RA, Hawks D., Mottern J., Cruaud A., Rasplus J-Y., Janšta P. (2011) A Molecular Phylogeny of the Chalcidoidea (Hymenoptera). *PLoS ONE* **6**:e27023.
- Narendran T. (1984) On three interesting species of Torymidae from India (Hymenoptera: Chalcidoidea). *Bollettino del Laboratorio di Entomologia Agraria „Filippo Silvestri“* pp 109–117.
- Narendran T., Ignatius M., Menon P.L. (2012) A review of *Pseuderimerus* Gahan (Hymenoptera: Torymidae) with description of a new species and a key to species. *Journal of Experimental Zoology, India* **15**:49–56.
- Narendran T., Kumar P. (2005) A new species of *Torymus* Dalman (Hymenoptera: Torymidae) from West Malaysia. *Zoo's Print Journal* **20**:1805–1806.
- Nieves-Aldrey J., Gomez J., Askew R. (2007) Two new species of *Idiomacromerus* (Hymenoptera: Torymidae) from the stem gall wasp on *Papaver somniferum*, with notes on the parasitoid community. *Annals of the Entomological Society of America* **100**:381–389.
- Noyes J.S. (2014) Universal Chalcidoidea Database. <http://www.nhm.ac.uk/research-curation/research/projects/chalcidoids/> (accessed on 27 Jul 2014).

- Poinar Jr. G., Huber J. (2011) A new genus of fossil Mymaridae (Hymenoptera) from Cretaceous amber and key to Cretaceous mymarid genera. *ZooKeys* **130**:461–472.
- Ronquist F., Teslenko M., van der Mark P., Ayres D.L., Darling A., Höhna S., Larget B., Liu L., Suchard M.A., Huelsenbeck J.P. (2012) MrBayes 3.2: Efficient Bayesian Phylogenetic Inference and Model Choice across a Large Model Space. *Systematic Biology* **61**(3):539-42
- Ruschka F. (1923) Die europäischen Arten der mit *Monodontomerus* Westw. verwandten Gattungen. (Chalcidienstudien IV. Teil.). *Zeitschrift für Angewandte Entomologie* **9**:395–408.
- Schmidt A.R., Perrichot V., Svojtka M., Anderson K.B., Belete K.H., Bussert R., Dörfelt H., Jancke S., Mohr B., Mohrmann E., Nascimbene P.C., Nel A., Nel P., Ragazzi E., Roghi G., Saupe E.E., Schmidt K., Schneider H., Selden P.A., Vávra N. (2010) Cretaceous African life captured in amber. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **107**:7329–7334.
- Schultz T.R., Brady S.G. (2008) Major evolutionary transitions in ant agriculture. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **105**:5435–5440.
- Sharkey M.J., Carpenter J.M., Vilhelmsen L., Heraty J., Liljeblad J., Dowling A.P.G., Schulmeister S., Murray D., Deans A.R., Ronquist F., Krogmann L., Wheeler W.C. (2012) Phylogenetic relationships among superfamilies of Hymenoptera. *Cladistics* **28**:80–112.
- Silvestri F. (1943) Studi sugli “Strepsiptera” Insecta. III. Descrizione e biolog’ia di 6 specie italiane di *Mengenilla*. *Bollettino del Laboratorio di zoologia generale e agraria della Facoltà agraria in Portici* **32**:197 – 282.
- Simon C., Frati F., Beckenbach A., Crespi B., Liu H., Flook P. (1994) Evolution, Weighting, and Phylogenetic Utility of Mitochondrial Gene Sequences and a Compilation of Conserved Polymerase Chain Reaction Primers. *Annals of the Entomological Society of America* **87**:651–701.
- Stamatakis A. (2014) RAxML Version 8: A tool for Phylogenetic Analysis and Post-Analysis of Large Phylogenies. *Bioinformatics* **30**(9): 1312-1313
- Stojanova A. (2005) *Glyphomerus aylax* sp. n. (Hymenoptera: Torymidae) from Bulgaria. *Revue suisse de zoologie* **112**:173–182.
- Zerova M., Seryogina L. (1994) New chalcid species of the families Eurytomidae and Torymidae (Hymenoptera, Chalcidoidea). *Zoologicheskii Zhurnal* **73**:120–125.
- Zerova M., Seryogina L. (1997) New Palaearctic species of Chalcidoidea wasps from the genus *Liodontomerus* (Hymenoptera, Torymidae). *Zoologicheskii Zhurnal* **76**:970–974.
- Zerova M., Seryogina L. (1999a) A new Palaearctic species of chalcids from the genus *Eridontomerus* (Hymenoptera, Torymidae). *Zoologicheskii Zhurnal* **78**:507–509.

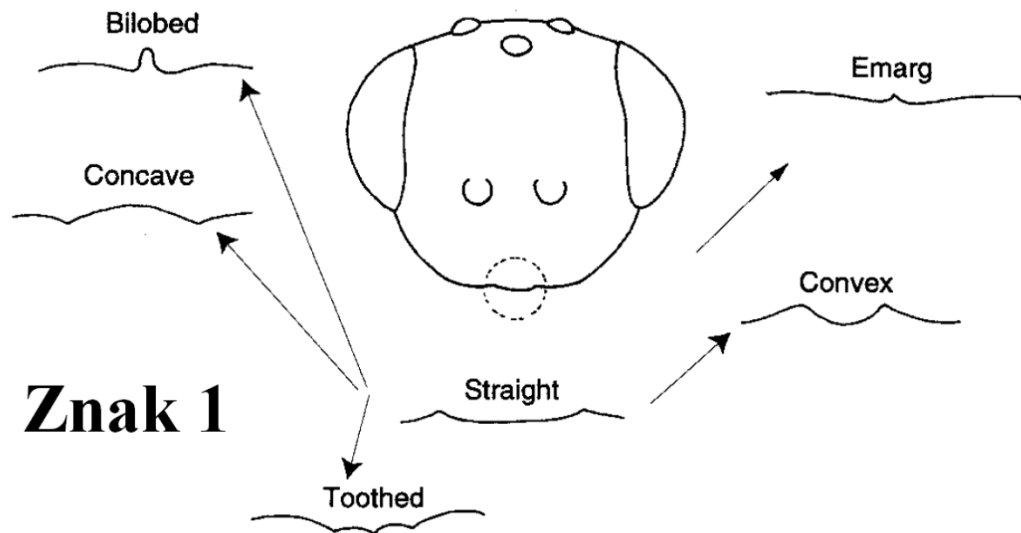
- Zerova M., Seryogina L. (1999b) New species of Chalcidoidea wasps of the families Torymidae and Eurytomidae (Hymenoptera, Chalcidoidea). *Zoologicheskii Zhurnal* **78**:1016.
- Zerova M., Seryogina L. (1999c) Torymid chalcidoid wasps (Hymenoptera, Chalcidoidea, Torymidae) of tribes Podagrionini and Monodontomerini of the Ukrainian fauna. *Vestnik Zoologii* Supplement **13**:3–130.
- Zerova M., Seryogina L. (1999d) Review of Palaearctic *Glyphomerus* (Hymenoptera, Torymidae) species and description of two new species. *Zoologicheskii Zhurnal* **78**:960–964.
- Zerova M., Seryogina L. (2000) New data on systematics and distribution of the *Glyphomerus* species (Hymenoptera, Torymidae). *Vestnik Zoologii* **34**:95–98.
- Zerova M., Seryogina L. (2001) A new Palaearctic species of chalcid wasps of the genus *Idiomacromerus* (Hymenoptera, Torymidae). *Zoologicheskii Zhurnal* **80**:882–884.
- Zerova M., Seryogina L. (2008) A Review of Palearctic Species of the Genus *Pseuderimerus* (Hymenoptera, Torymidae) with a Description of One New Species From Iran. *Vestnik Zoologii* **42(3)**:264-265
- Zerova M., Seryogina L., Karimpour Y. (2008) New species of the chalcidoid wasps of the families Eurytomidae and Torymidae (Hymenoptera, Chalcidoidea) from Iran. *Vestnik Zoologii* **42**:489–496.
- Zerova M., Seryogina L., Kuslitzky W., Argov Y. (2013a) Species of the genus *Idiomacromerus* (Hymenoptera, Chalcidoidea, Torymidae) reared from flower heads of some Asteraceae in Israel. *Vestnik Zoologii* **47**:167–171.
- Zerova M., Seryogina L., Kuslitzky W., Argov Y. (2013b) Two new species of the genus *Adontomerus* Nikolskaya, 1955 (Hymenoptera: Torymidae) from Israel. *Russian Entomological Journal* **22**:227–229.
- Zerova M., Seryogina L., Pavlicek T., Nevo E. (2002) A new subspecies of the genus *Ormyrus* (Hymenoptera, Ormyridae) and new species of the genus *Idiomacromerus* (Hymenoptera, Torymidae) from Israel. *Vestnik Zoologii* **36**:85–88.
- Zerova M., Stojanova A., Seryogina L. (2004) Taxonomic status of the genus *Exopristoides* (Hymenoptera, Torymidae) with description of a *Exopristoides* new species from Bulgaria. *Zoologicheskii Zhurnal* **83**:1520–1525.

Tištěné přílohy diplomové práce

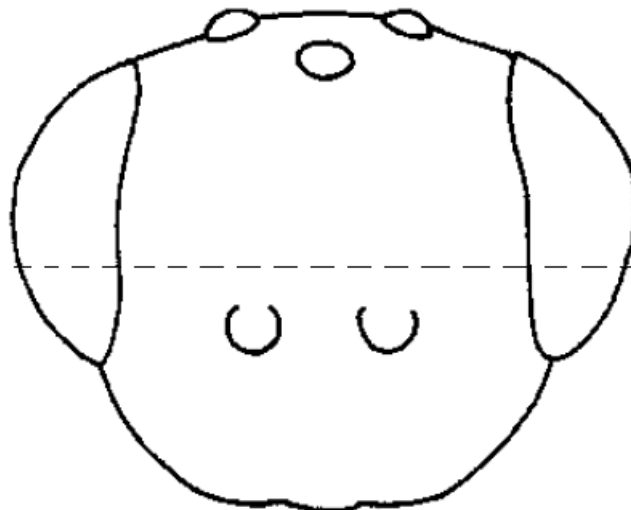
10. Tištěné přílohy diplomové práce

10.1. Morfologické znaky

Čísla uvedená u některých znaků v závorkách znamenají konkrétní stav znaku.



Znak 1: Tvar apexu clypea – obrázek z Grissell (1995)



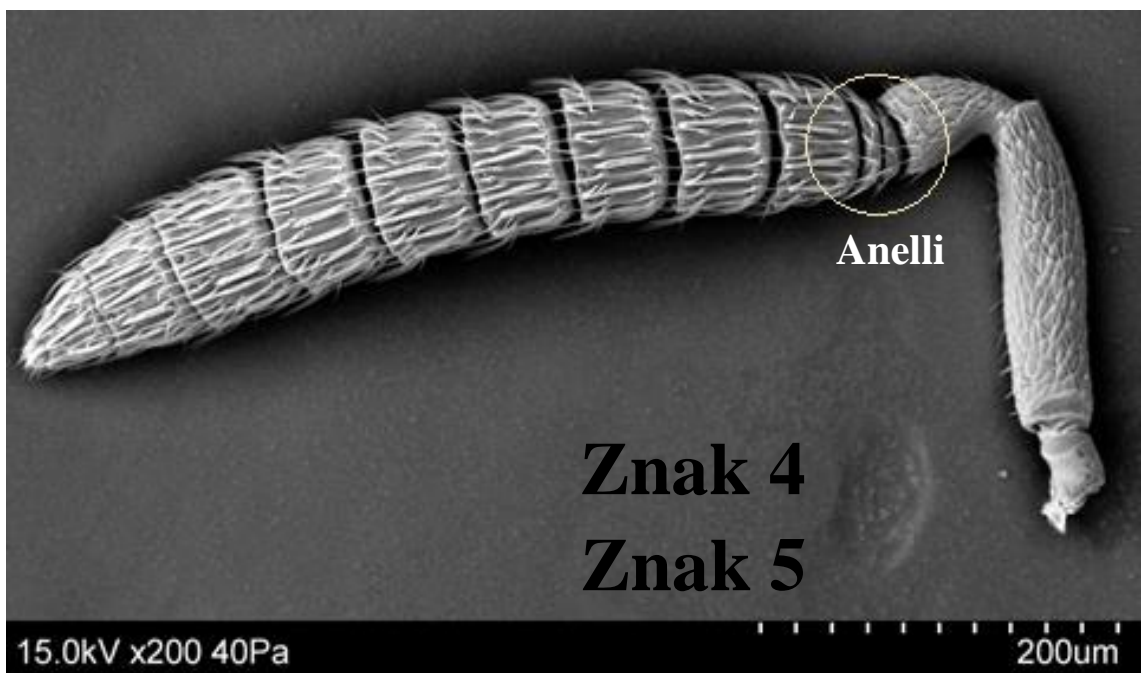
Znak 2

Znak 2: Umístění tykadlových toruli na „obličejí“ – obrázek z Grissell (1995) (1)



Znak 3

Znak 3: Poměr vzdáleností tentoriálních jamek na clypeu s jejich vzdáleností od okraje clypea - obrázek z Grissell (1995) (1)



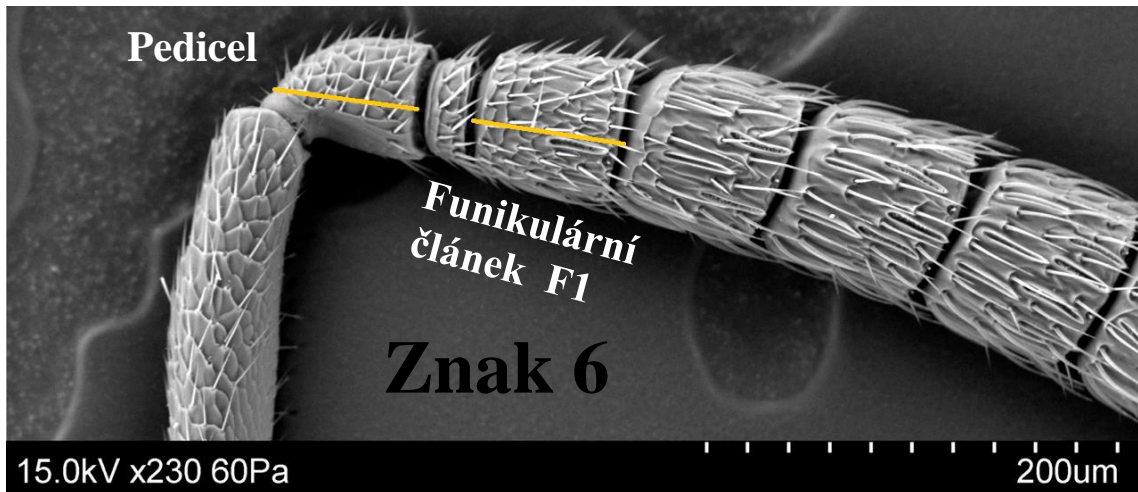
Znak 4

Znak 5

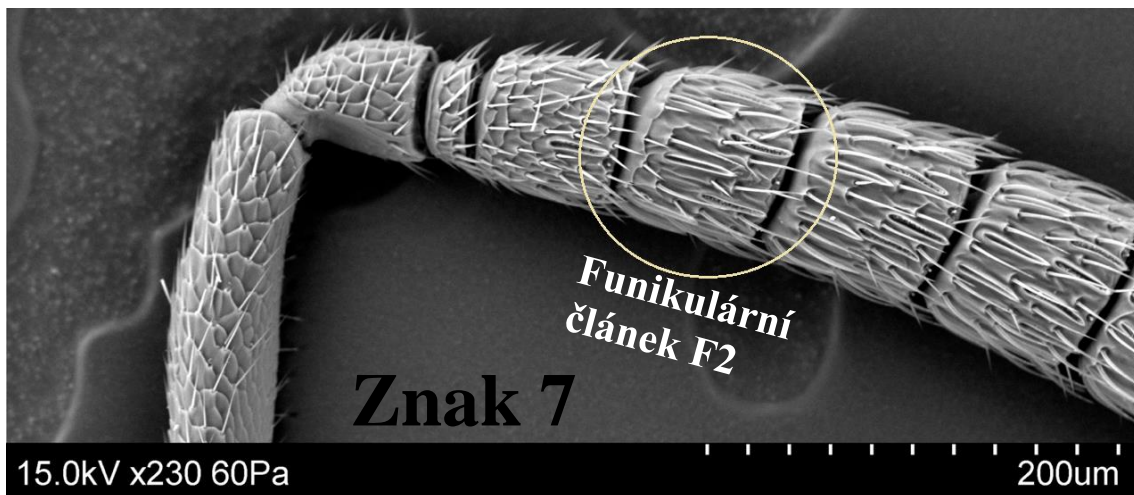
Znak 4: Tvar první flagellomery – anellus (1)

Znak 5: Počet anelli (1)

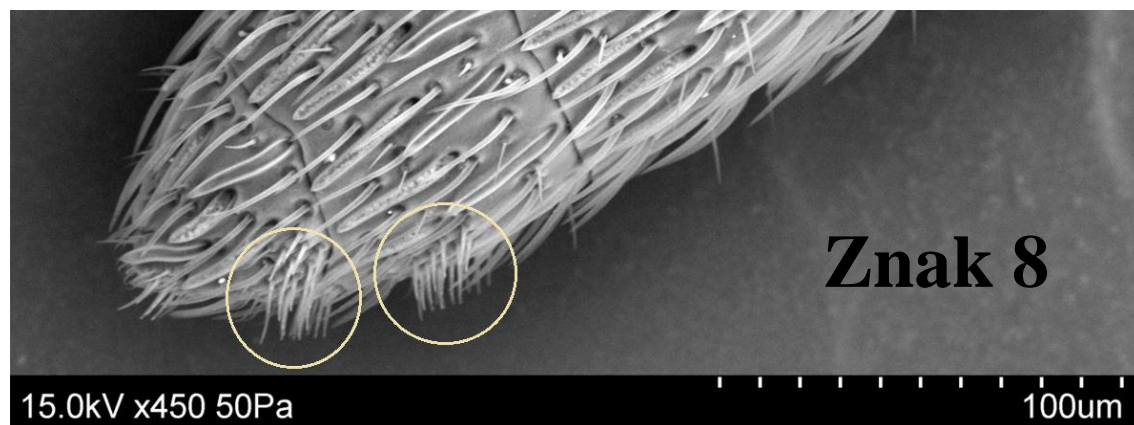
Obrázek ke znakům 4 a 5 – *Idiomacromerus iridis*



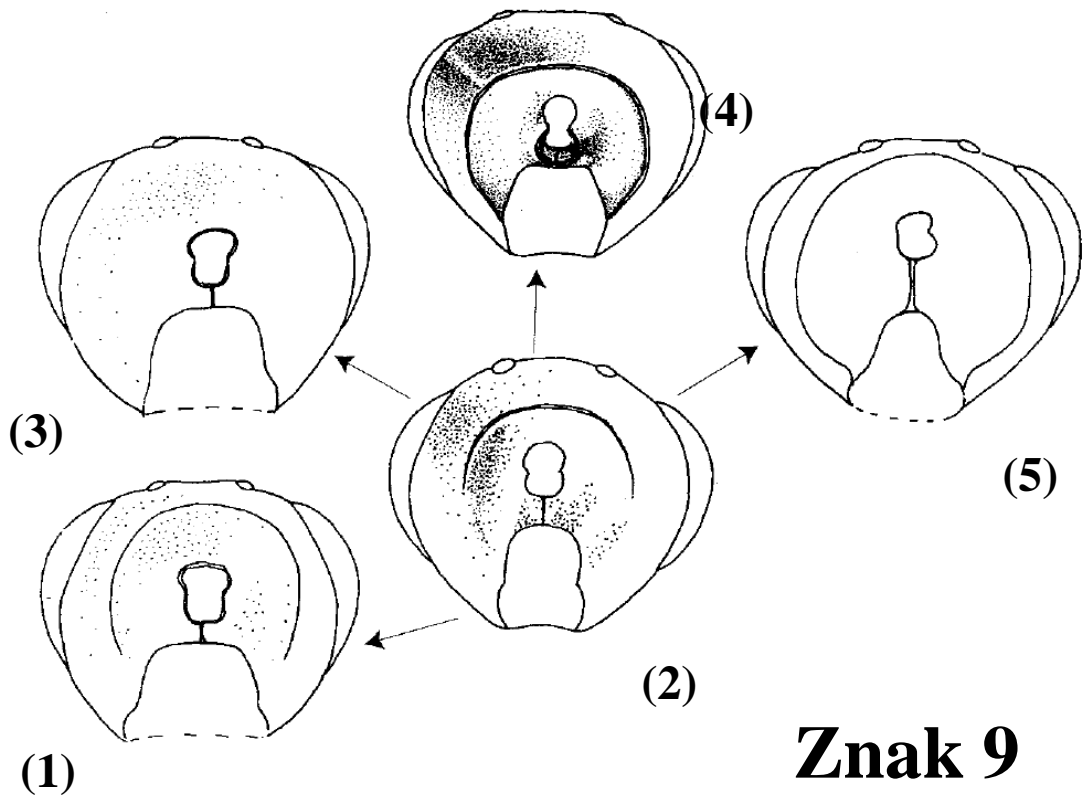
Znak 6: Poměr délek pedicelu a prvního funikulárního článku(F1) (1)
 Obrázek ke znaku 6 – *Glyphomerus aylax*



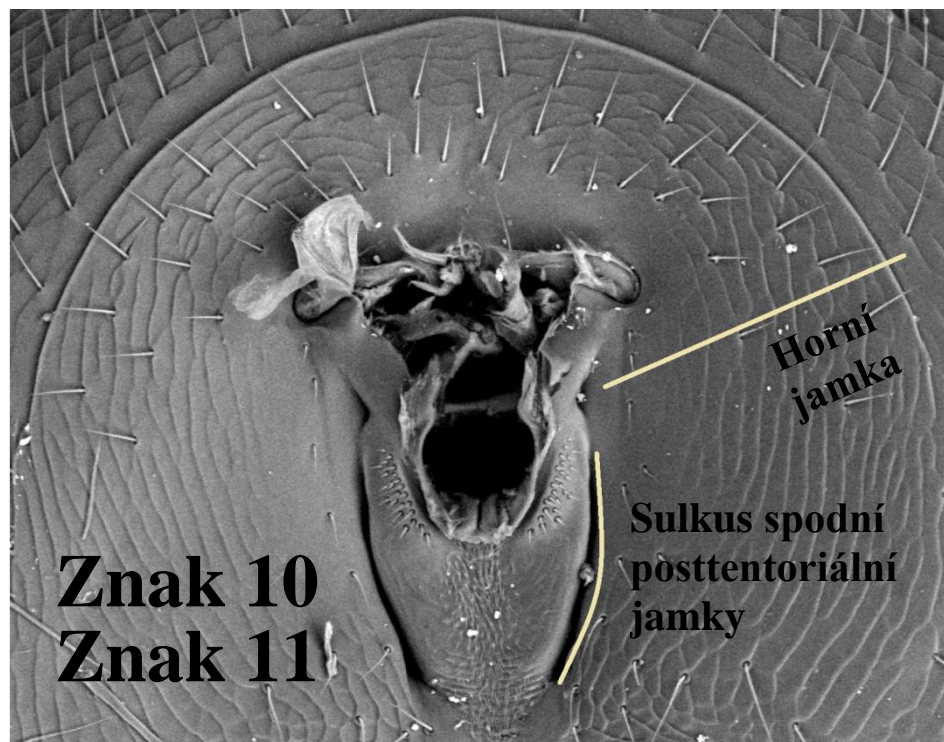
Znak 7: Počet řádků MPS na druhém funikulárním článku (F2) (1)
 Obrázek ke znaku 7 – *Glyphomerus aylax*



Znak 8: „Micropilosity area“ na ventrální straně paličky tykadla (1)
 Obrázek ke znaku 8 - *Exopristus trigonomerus*

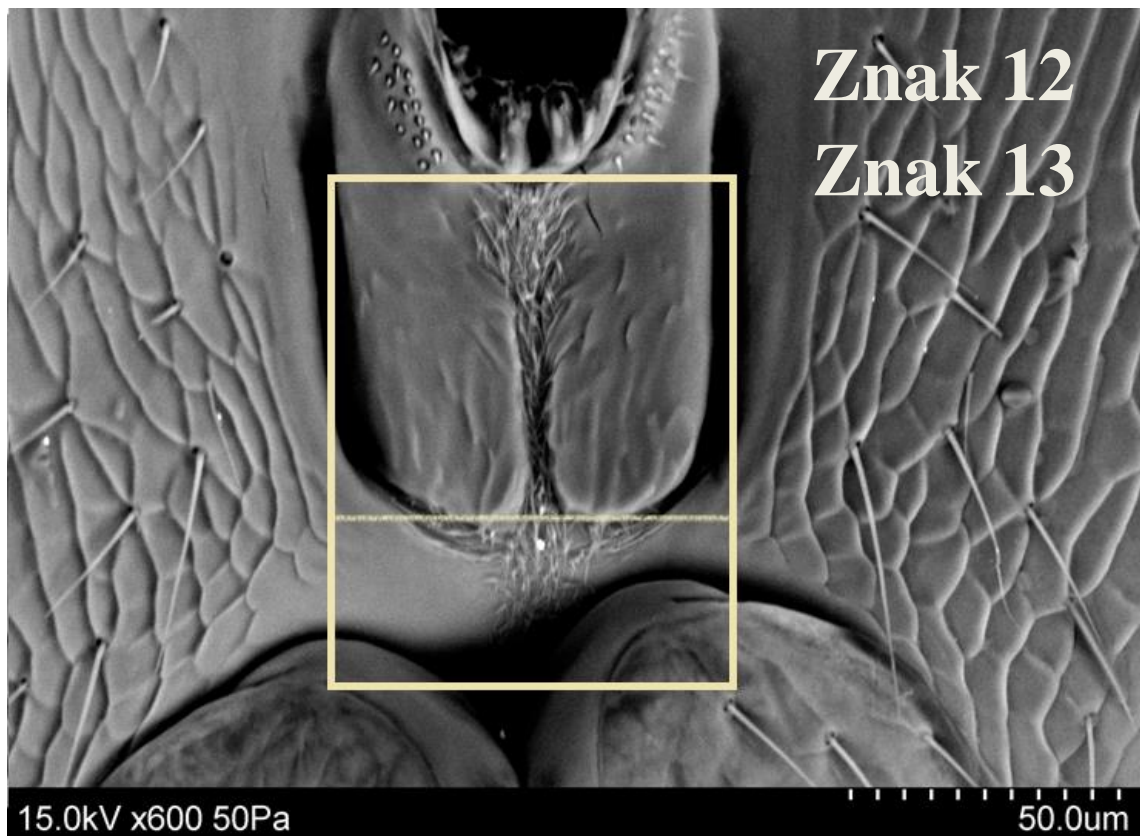


Znak 9: Stavy okcipitální rýhy - obrázek z Grissell (1995)

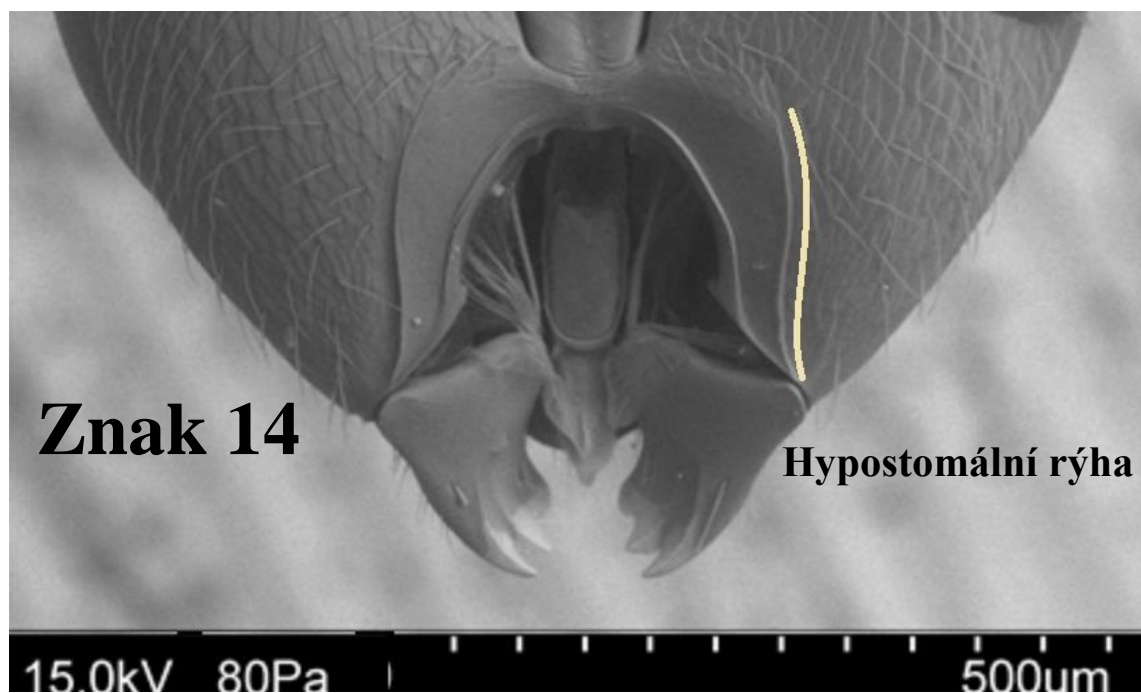


15.0kV x110 50Pa 500um

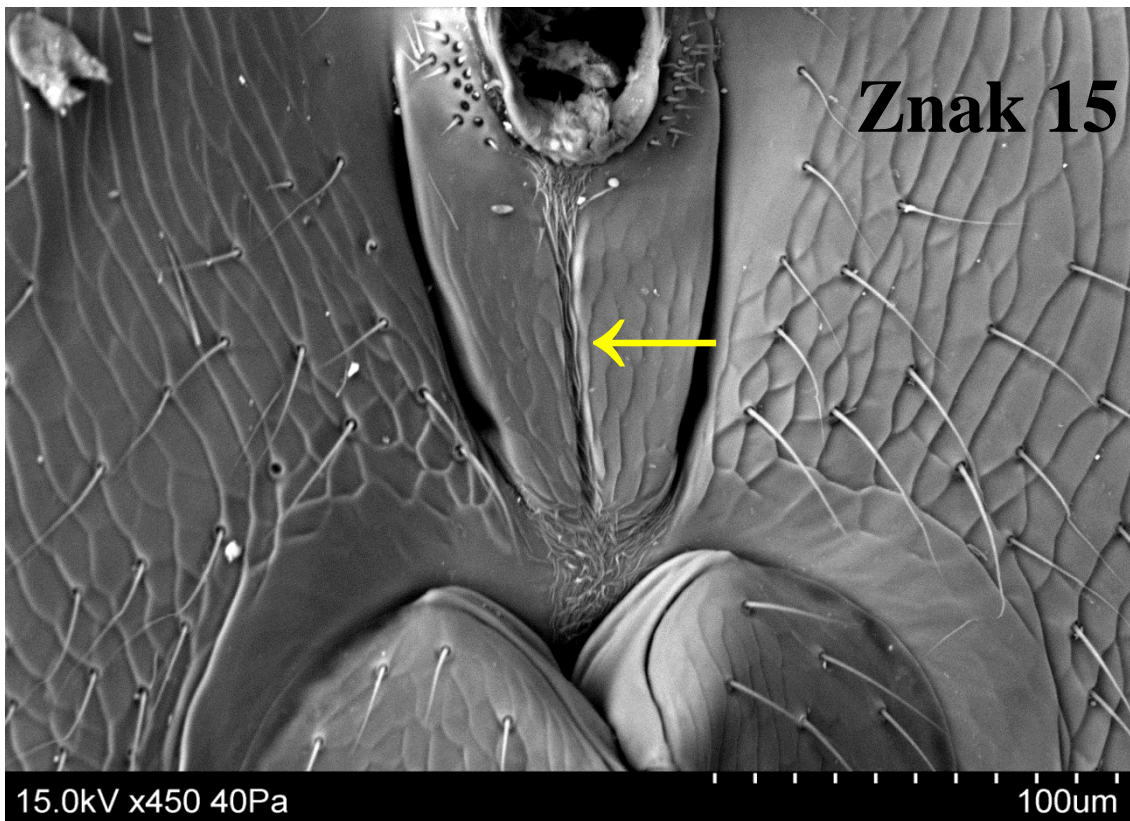
Znak 10: Tvar spodních posttentoriálních jamek (2)
 Znak 11: Tvar sulků spodních posttentoriálních jamek (2)
 Obrázek ke znakům 10 a 11 – *Exopristus trigonmerus*



Znak 12: Rovina ploch spodní a horní části postgenálního můstku (1)
 Znak 13: Poměr velikostí spodní a horní části postgenálního můstku (1)
 Obrázek ke znakům 12 a 13 – *Idiomacromerus iridis*



Znak 14: Tvar hypostomální rýhy (2)
 Obrázek ke znaku 14 – *Pseudotorymus sapphyrinus*



Znak 15: Střední proužek postgenálního můstku (2)
 Obrázek ke znaku 15 – *Idiomacromerus arcus*



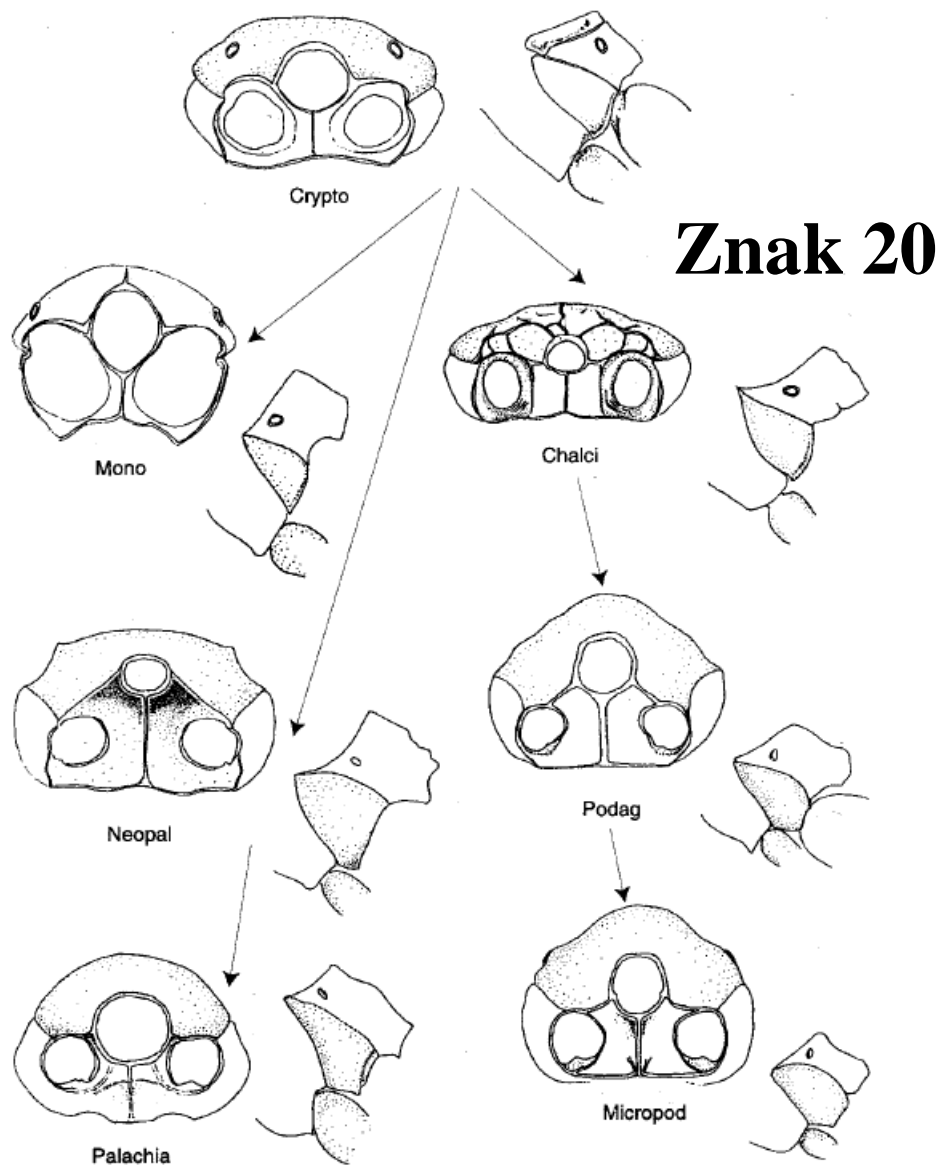
Znak 16: Přítomnost notauli na scutu (0)
 Znak 17: Rozlišitelnost frena na scutellu (0)
 Znak 18: Struktura dorsální části mesonota (0)
 Obrázek ke znakům 16, 17 a 18 – *Exopristoides hypaei*



Znak 19

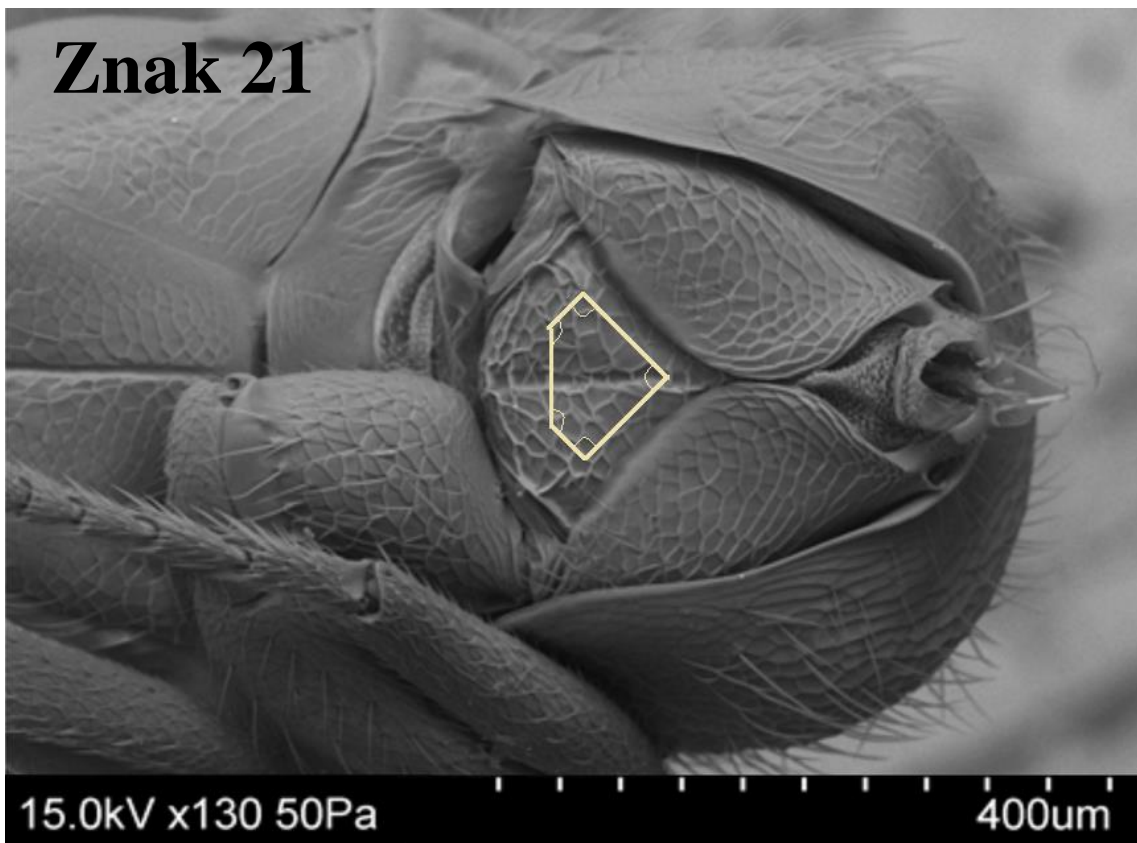
Znak 19: Struktura propodea (4)

Obrázek ke znaku 19 – *Eridontomerus biroi*

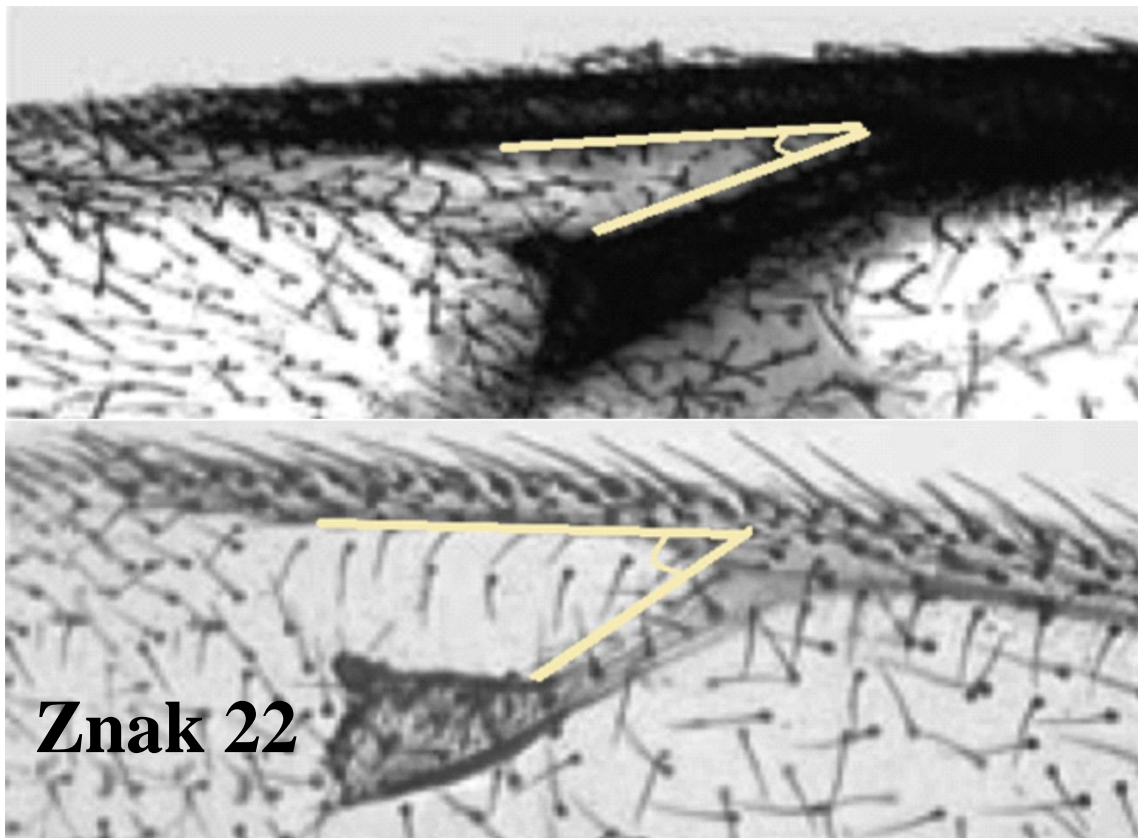


Znak 20: Architektura metasterna - obrázek z Grissell (1995)

Znak 21



Znak 21: Tvar prosterna (0)
Obrázek ke znaku 21 - *Eridontomerus biroi*

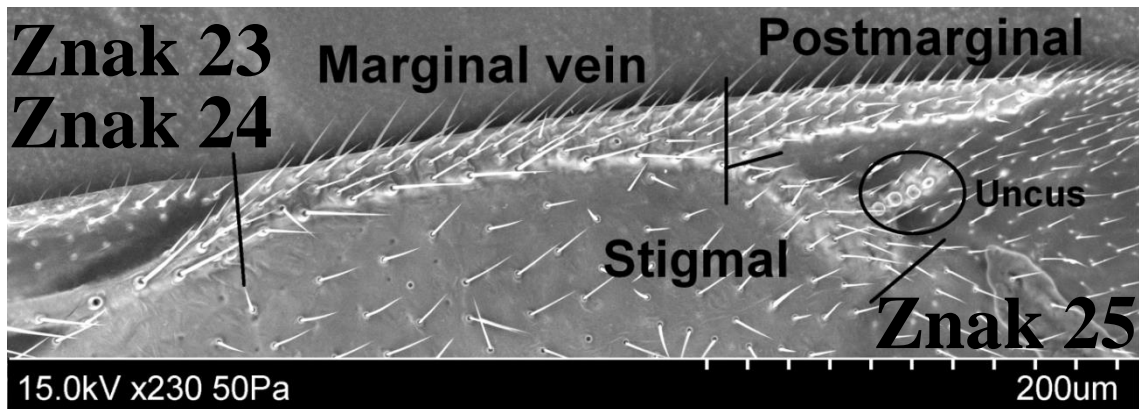


Znak 22

Znak 22: Úhel svírající stigmální žilka (SŽ) s žilkou postmarginální (PŽ) na předním křídle - Obrázek z Lotfalizadeh et al. 2007

Horní část obrázku ke znaku 22 – *Aiolomorphpus rhopaloides*

Spodní část obrázku ke znaku 22 – *Eurytoma* sp.

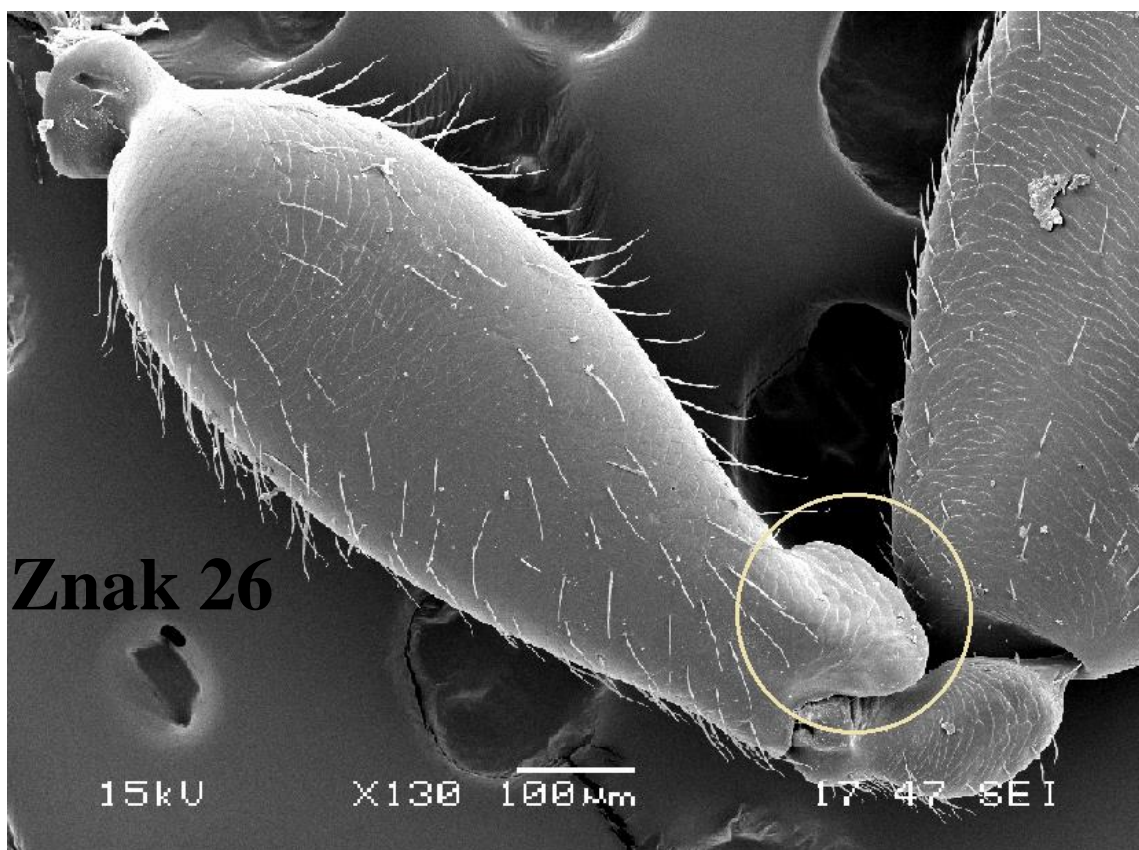


Znak 23: Poměr délek marginální žilky (Marginal vein) vůči žilce postmarginální (Postmarginal vein) (1)

Znak 24: Poměr délek stigmální žilky (Stigmal vein) vůči žilce postmarginální (Postmarginal vein) (1)

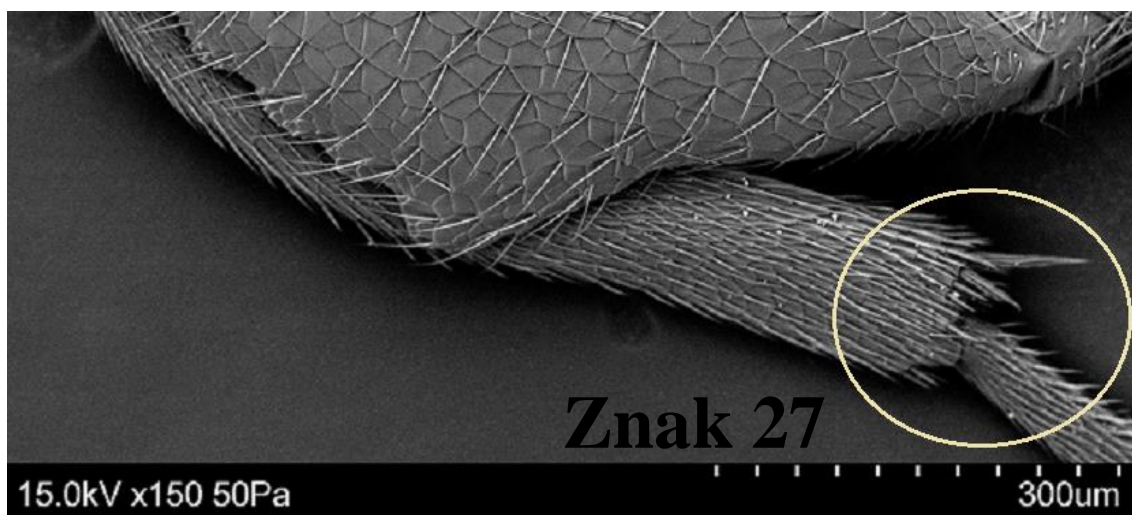
Znak 25: Počet uncálních sensil na uncusu stigmální žilky (1)

Obrázek ke znakům 23, 24 a 25- *Eridontomerus fulviventris*



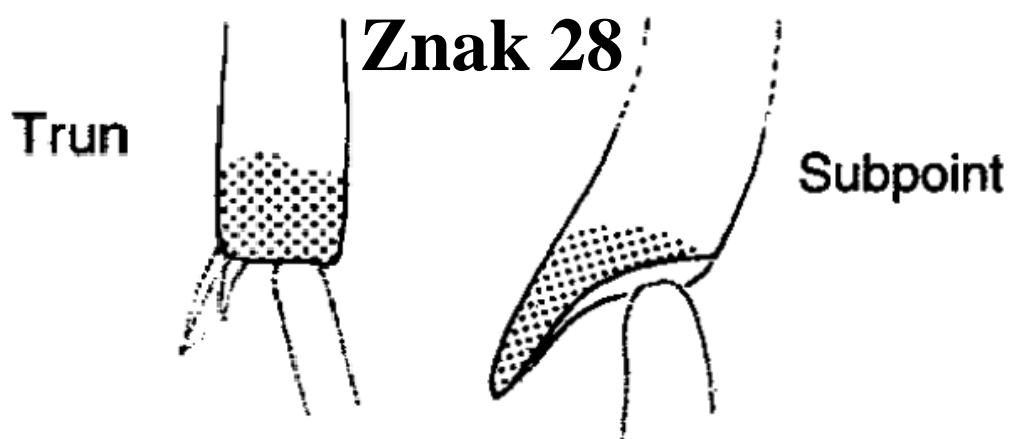
Znak 26: Výběžek na vnější stěně kyčle zadní nohy tzv. „processus“ (0)

Obrázek ke znaku 26 – *Podagrion* sp.

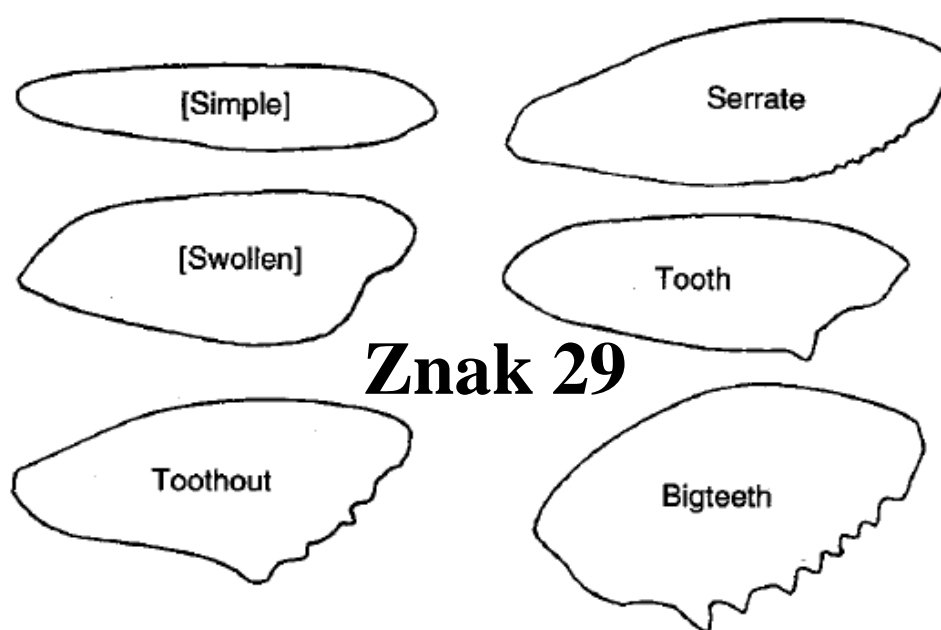


Znak 27: Počet ostruh na apexu tibie zadní nohy (1)

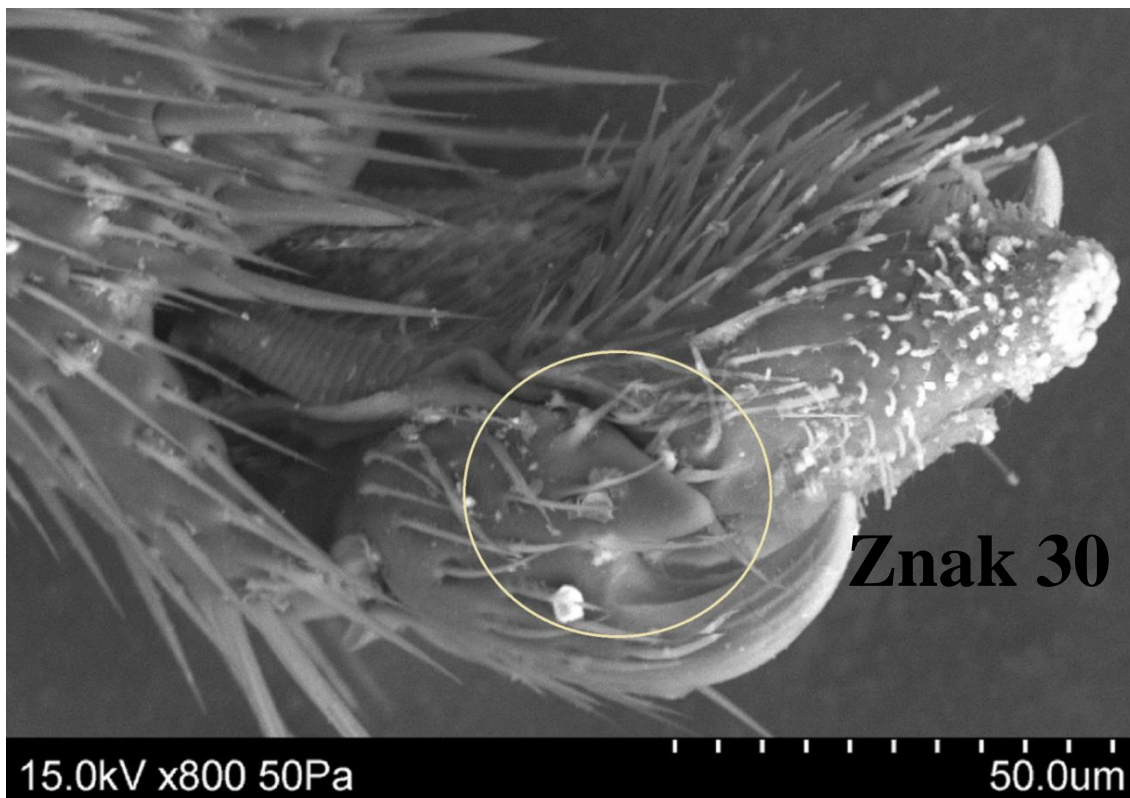
Obrázek ke znaku 27 – *Exopristus trigonomerus*



Znak 28: Tvar apexu tibie zadní nohy - obrázek z Grissell (1995)

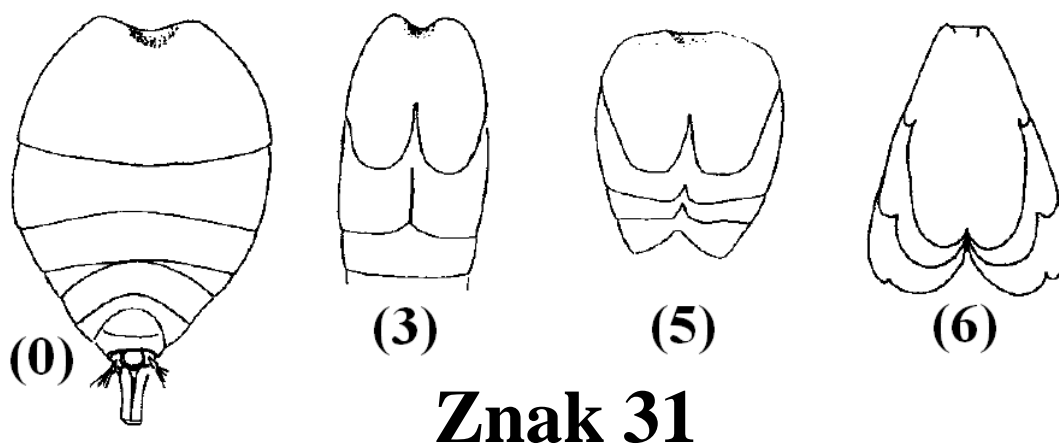


Znak 29: Tvar femuru zadní nohy - obrázek z Grissell (1995)



Znak 30: Basální zub na tarzálním drápku zadní nohy (0)

Obrázek ke znaku 30 – *Eridontomerus isosomatis*

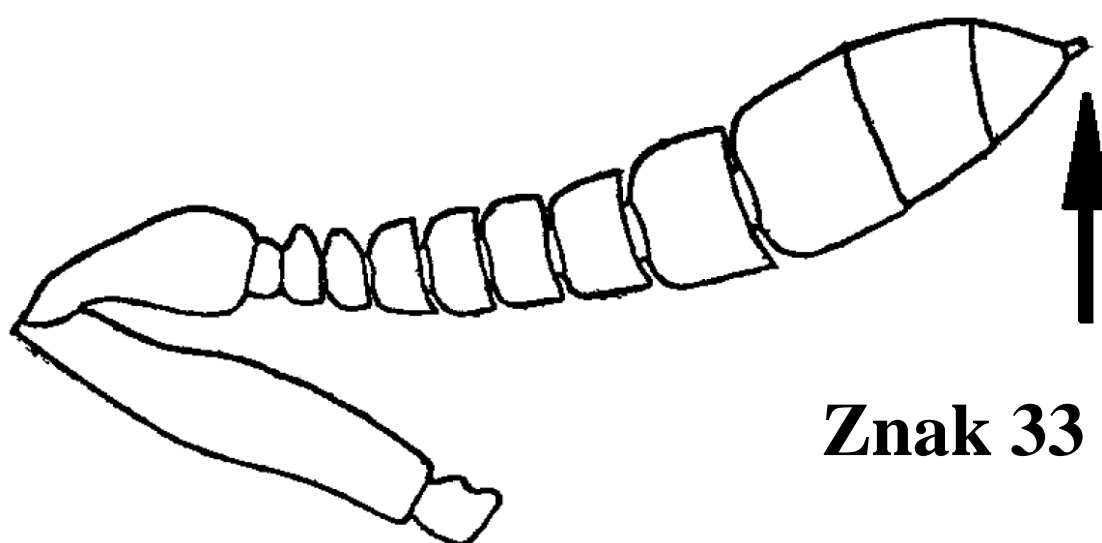


Znak 31: Tvarování terg na dorsu abdomenu - obrázek z Grissell (1995)



Znak 32

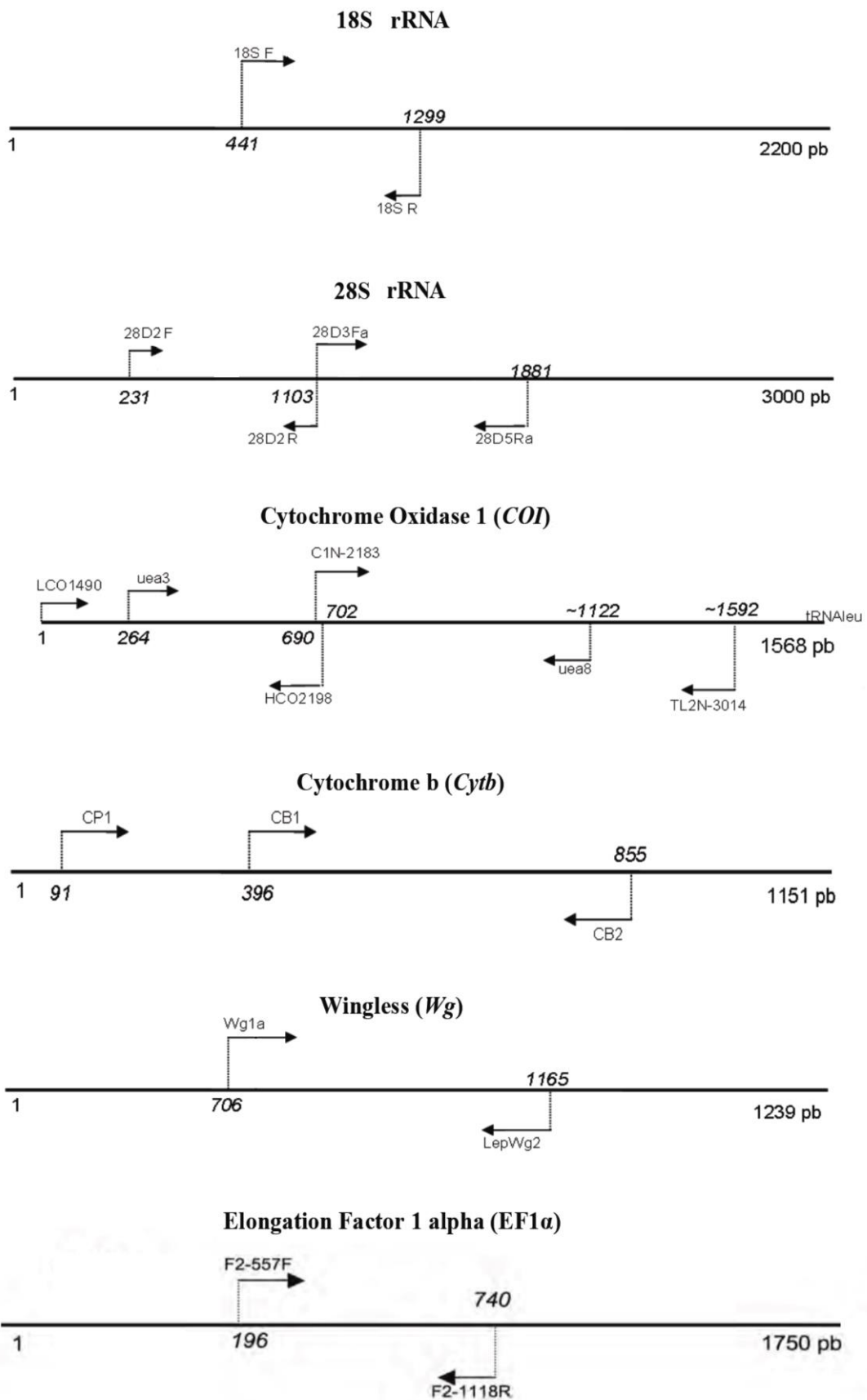
Znak 32: Počet sít na zadečkovém petiolu (4)
Obrázek ke znaku 32 – *Cryptopristus caliginosus*



Znak 33

Znak 33: Přítomnost špičky na apexu tykadla (obrázek z Gahan 1919) (1)

10.2. Orientační mapa genových úseků



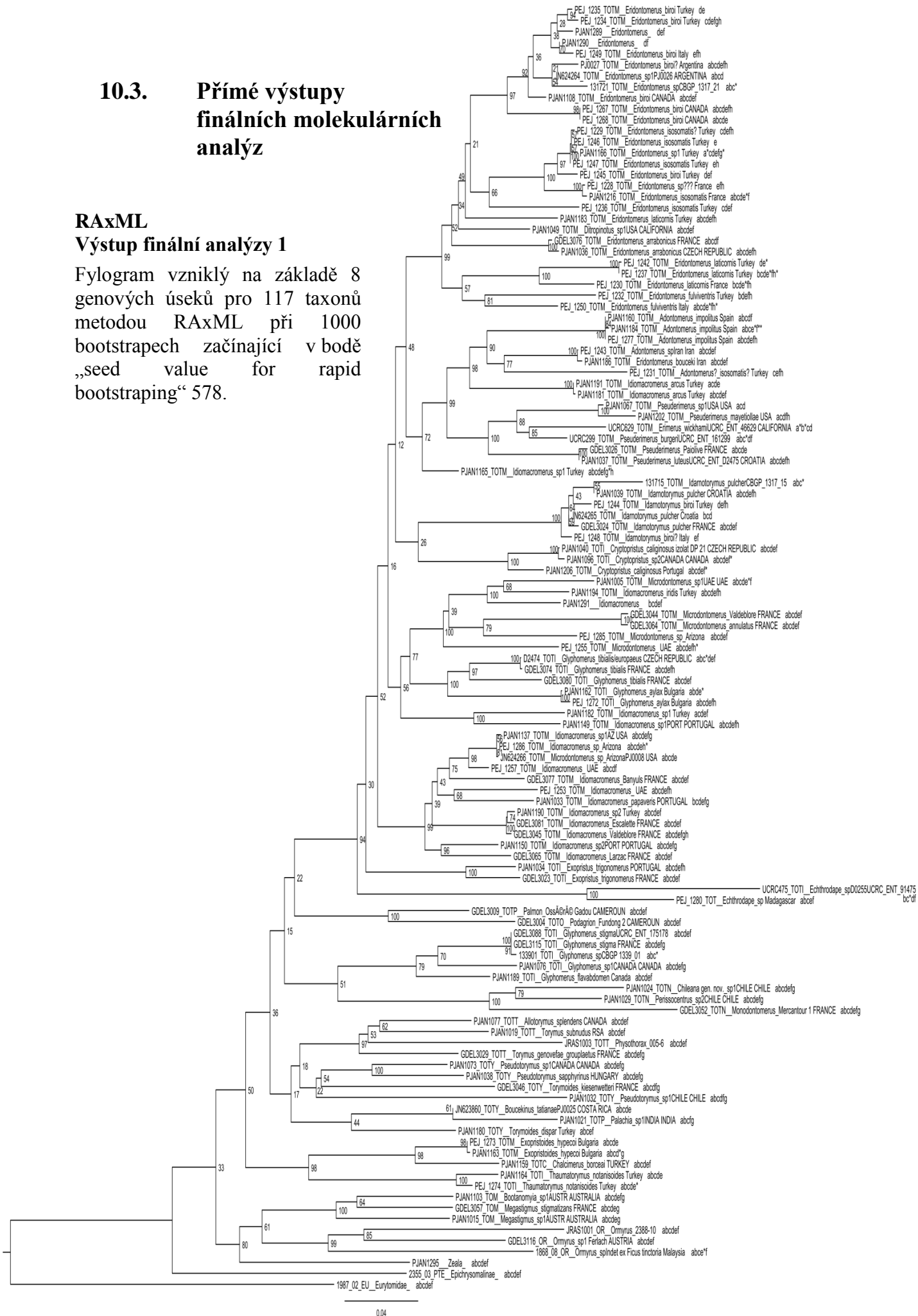
Orientační mapa sekvenovaných genových úseků.

Převzato z „Structure Phylogenetique Et Biogeographie Des Communautés De Chalcidiens Sycophiles (Hymenoptera)“ Cruaud A. (2009)

10.3. Přímé výstupy finálních molekulárních analýz

RAxML Výstup finální analýzy 1

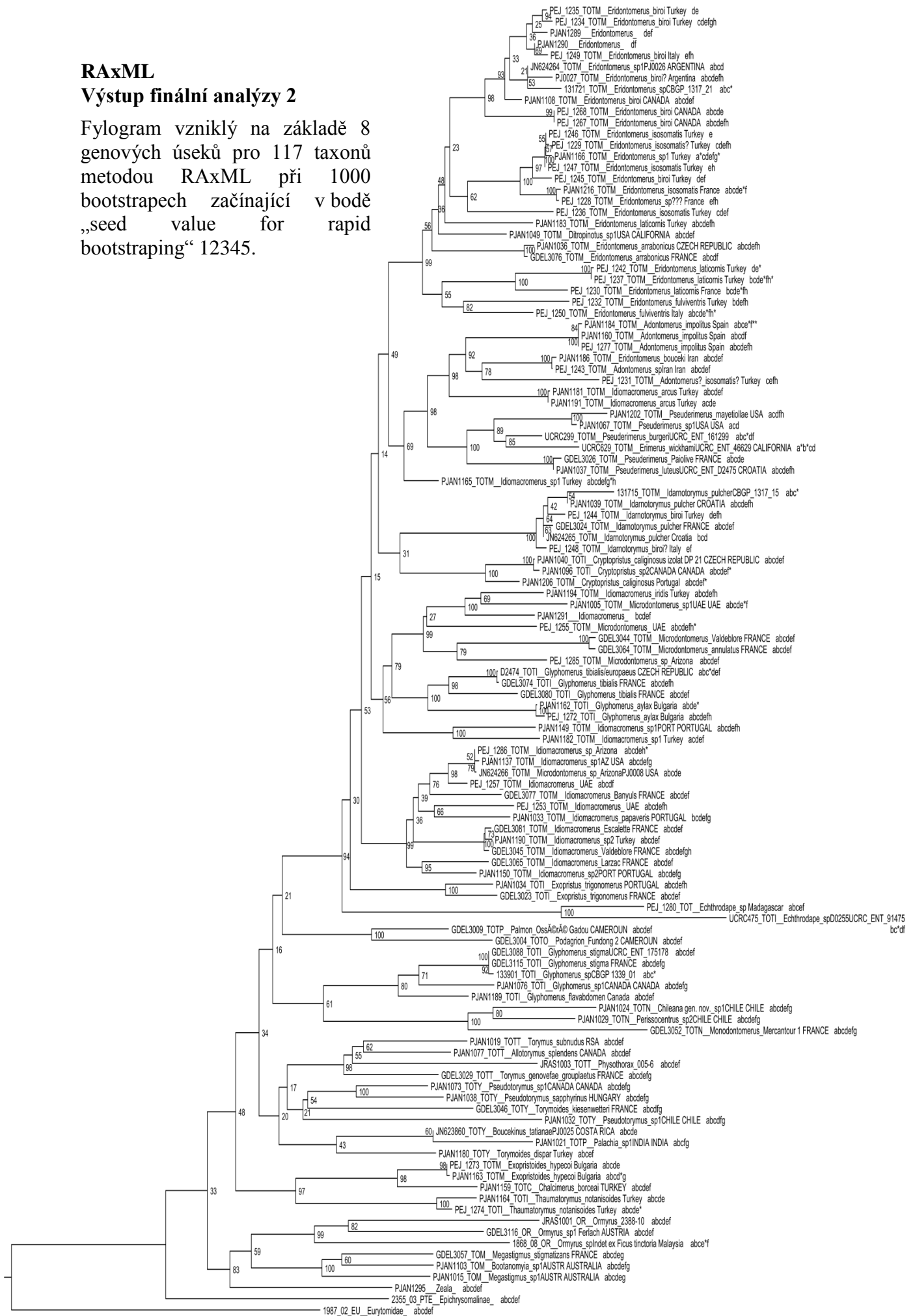
Fylogram vzniklý na základě 8 genových úseků pro 117 taxonů metodou RAxML při 1000 bootstrapech začínající v bodě „seed value for rapid bootstrapping“ 578.



RAxML

Výstup finální analýzy 2

Fylogram vzniklý na základě 8 genových úseků pro 117 taxonů metodou RAxML při 1000 bootstapech začínající v bodě „seed value for rapid bootstrapping“ 12345.

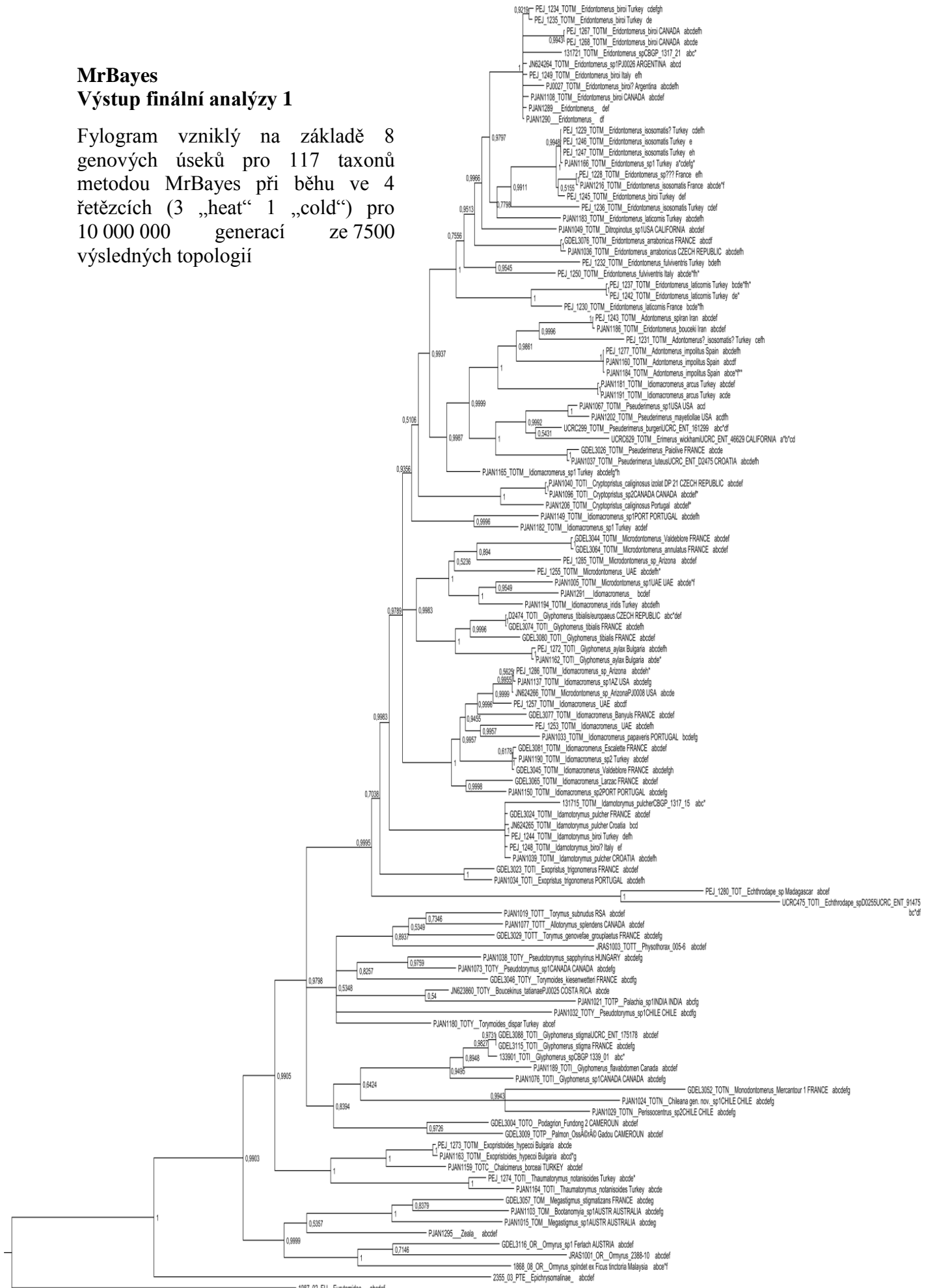


0.04

MrBayes

Výstup finální analýzy 1

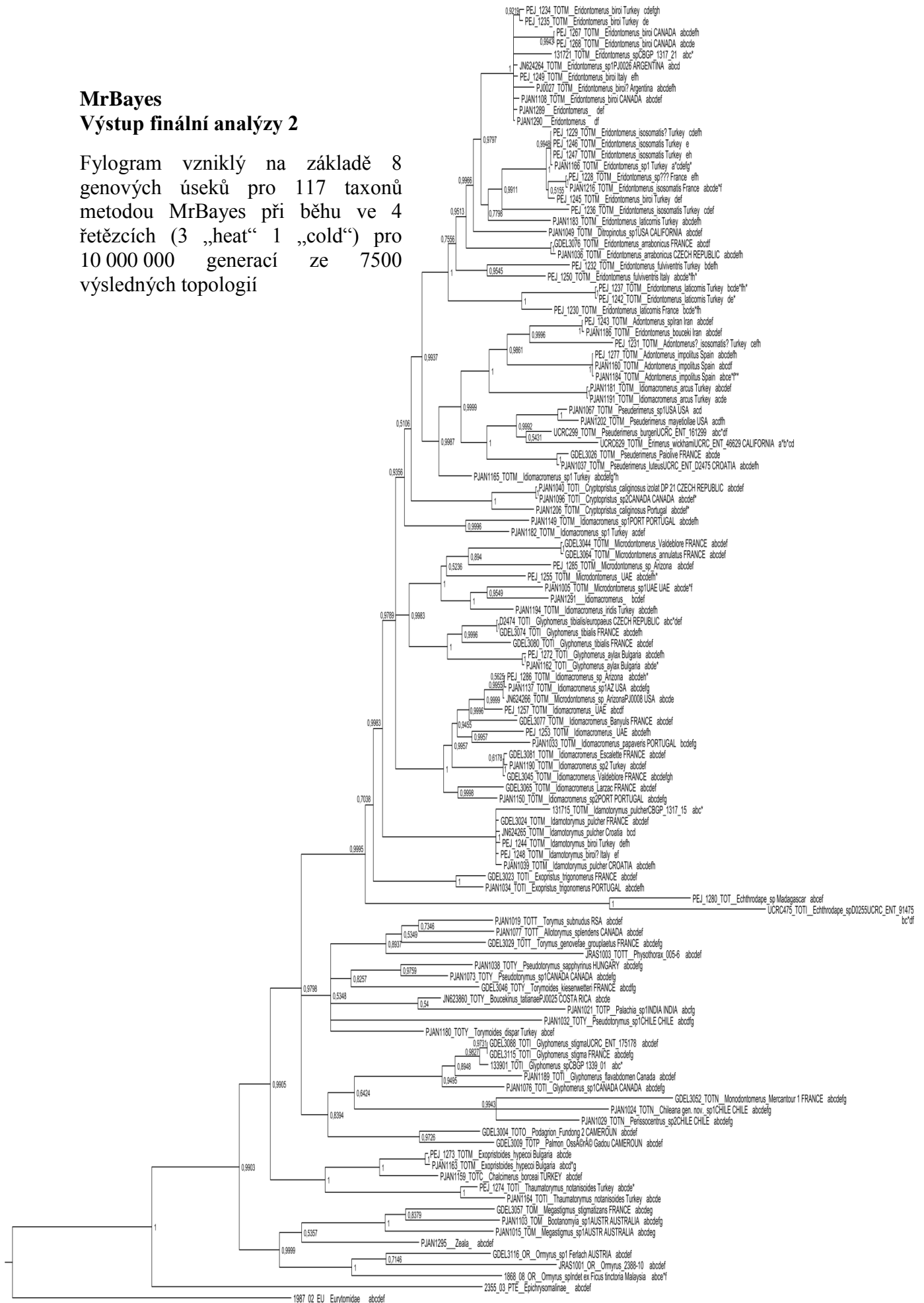
Fylogram vzniklý na základě 8 genových úseků pro 117 taxonů metodou MrBayes při běhu ve 4 řetězcích (3 „heat“ 1 „cold“) pro 10 000 000 generací ze 7500 výsledných topologií



MrBayes

Výstup finální analýzy 2

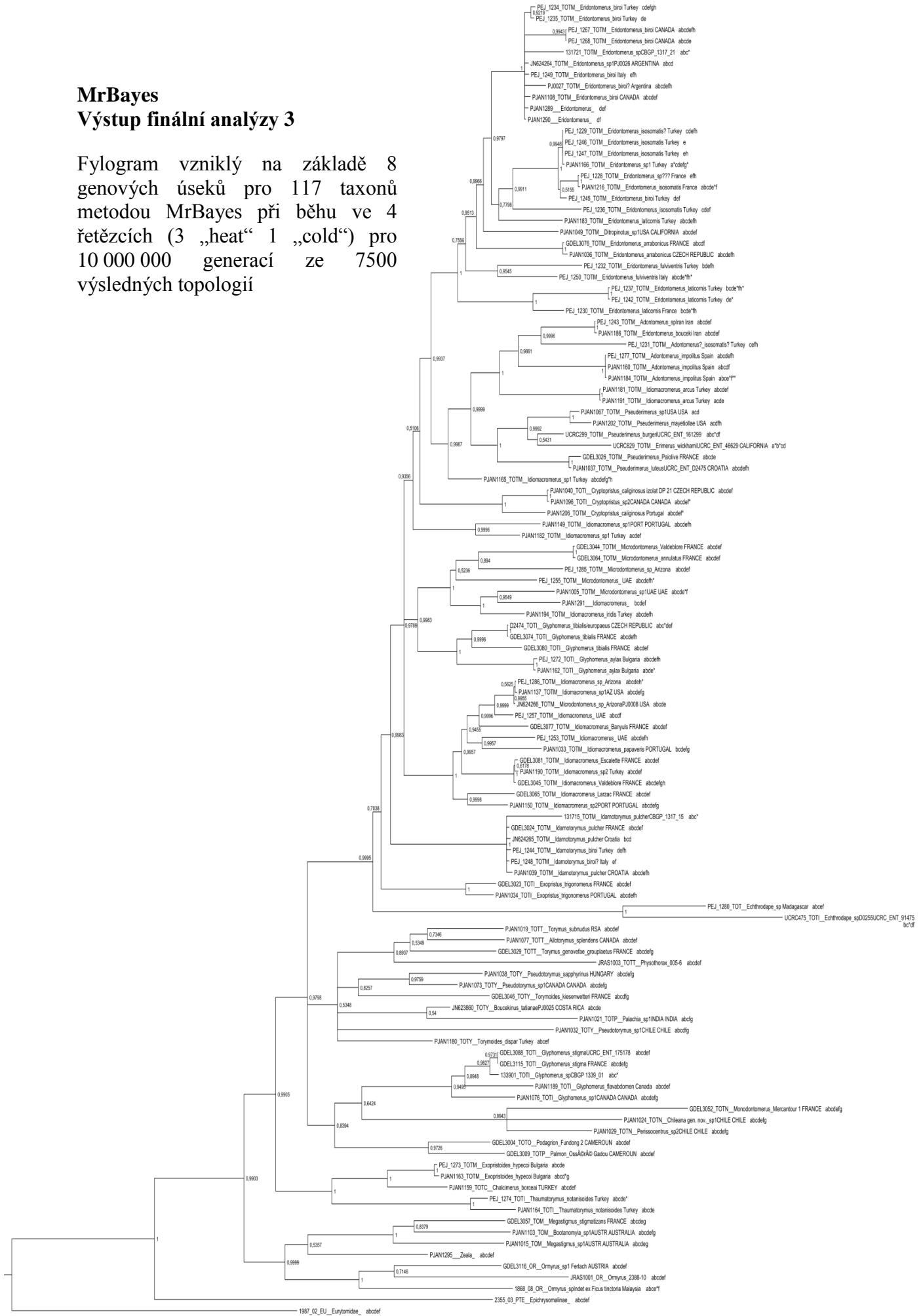
Fylogram vzniklý na základě 8 genových úseků pro 117 taxonů metodou MrBayes při běhu ve 4 řetězcích (3 „heat“ 1 „cold“) pro 10 000 000 generací ze 7500 výsledných topologií



MrBayes

Výstup finální analýzy 3

Fylogram vzniklý na základě 8 genových úseků pro 117 taxonů metodou MrBayes při běhu ve 4 řetězcích (3 „heat“ 1 „cold“) pro 10 000 000 generací ze 7500 výsledných topologií



10.4. Matice morfologických znaků

- Matice znaků pro 33 taxonů (znaky 1-12)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
PEJ 1267	2	1	1	1	1	1	2	0	2	2	2	0
PJAN1216	3	1	1	1	1	1	2	0	0	2	2	0
PJAN1049	2	1	1	1	0	1	2	1	3	2	2	0
PJAN1036	3	1	1	1	0	1	1	1	0	2	2	0
PEJ 1250	2	1	1	1	?	?	?	?	2	2	2	0
PEJ 1230	2	1	1	1	1	1	2	1	3	2	2	0
PEJ 1243	2	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2	0
PEJ 1277	2	1	1	1	0	1	2	1	2	2	2	0
PJAN1181	2	1	1	1	1	1	2	0	2	2	2	1
PJAN1202	3	1	1	1	2	1	2	1	3	2	1	0
UCRC629	3	1	1	0	0	1	1	1	3	2	1	0
PJAN1037	3	1	1	1	0	1	2	1	3	2	2	0
PJAN1040	3	1	1	1	0	1	1	1	0	1	2	0
PEJ 1285	2	1	1	1	0	1	2	1	3	1	2	1
PEJ 1255	2	1	1	1	1	1	2	0	3	2	1	0
PJAN1194	2	1	1	1	1	1	2	0	3	2	2	1
GDEL3080	3	1	1	1	0	1	1	1	2	2	1	0
PJAN1162	3	1	1	1	0	1	1	1	2	2	1	0
PEJ 1257	2	1	1	1	1	1	2	?	2	2	1	0
PEJ 1253	2	1	1	1	1	1	2	1	3	2	2	0
PJAN1039	3	1	1	1	1	1	2	1	3	1	2	0
PJAN1034	3	1	1	1	0	1	1	1	2	2	1	0
PEJ 1280	2	1	1	1	0	1	0	?	2	2	1	0
GDEL3029	2	1	1	1	0	1	1	0	1	1	2	0
PJAN1038	3	1	1	0	0	1	2	2	0	1	2	0
GDEL3115	2	1	1	1	0	1	1	1	4	2	1	0
GDEL3052	2	1	1	0	0	1	0	1	4	1	1	0
GDEL3004	5	0	1	1	0	1	1	2	5	0	0	0
PJAN1163	3	1	1	1	0	0	0	0	2	1	1	0
PJAN1159	2	1	0	1	0	0	0	0	2	1	1	0
GDEL3057	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0
GDEL3116	0	1	1	1	1	1	2	0	0	0	0	0
1987 02	0	0	1	1	1	1	?	?	3	0	0	0

• Matice znaků pro 33 taxonů (znaky 13-24)

	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
PEJ 1267	1	2	0	0	2	0	4	0	0	0	2	1
PJAN1216	1	2	0	0	2	0	4	0	0	1	1	1
PJAN1049	1	2	0	0	2	0	4	0	0	1	1	1
PJAN1036	1	2	2	0	2	0	4	0	0	1	1	1
PEJ 1250	1	2	2	0	2	0	1	0	0	0	1	1
PEJ 1230	1	2	1	0	2	0	4	0	1	0	1	1
PEJ 1243	1	2	0	0	2	1	7	0	0	0	1	1
PEJ 1277	1	2	0	0	2	1	7	0	0	1	1	1
PJAN1181	1	2	2	0	2	1	4	0	0	0	2	1
PJAN1202	1	2	0	0	2	0	3	0	0	0	2	1
UCRC629	1	2	1	0	2	1	1	0	0	1	1	1
PJAN1037	1	2	0	0	2	0	2	0	0	0	2	1
PJAN1040	1	2	1	0	2	0	3	0	0	1	1	1
PEJ 1285	1	2	1	0	2	0	2	0	0	1	1	0
PEJ 1255	1	2	2	0	2	0	2	0	0	0	1	0
PJAN1194	1	2	2	0	2	0	2	0	0	0	1	0
GDEL3080	1	2	1	0	2	0	3	0	0	0	1	1
PJAN1162	1	2	1	0	2	0	6	0	0	1	1	0
PEJ 1257	1	2	2	0	2	0	2	0	0	0	1	1
PEJ 1253	1	2	2	0	2	0	2	0	?	0	1	1
PJAN1039	0	2	0	0	2	0	2	0	0	1	1	0
PJAN1034	1	2	1	0	2	0	3	0	0	0	1	1
PEJ 1280	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	3	1
GDEL3029	1	0	1	0	2	0	2	0	0	0	?	?
PJAN1038	1	2	0	0	2	0	2	0	0	0	3	1
GDEL3115	1	0	1	0	2	0	1	0	0	1	1	0
GDEL3052	1	0	1	0	0	0	6	3	1	0	1	1
GDEL3004	0	0	0	0	2	0	5	1	1	0	3	1
PJAN1163	1	1	1	0	0	0	3	0	0	1	1	1
PJAN1159	1	1	0	0	1	0	0	2	0	0	0	1
GDEL3057	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	0	1
GDEL3116	1	0	0	1	2	0	4	?	0	1	3	1
1987 02	0	?	?	0	2	?	0	?	?	0	?	?

• Matice znaků pro 33 taxonů (znaky 25-35)

	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35
PEJ 1267	1	1	1	0	5	0	1	3	0	0	3
PJAN1216	0	1	1	0	2	0	0	1	0	0	0
PJAN1049	0	0	1	0	2	0	2	4	0	0	3
PJAN1036	?	1	1	0	2	0	1	5	0	0	0
PEJ 1250	1	1	1	0	2	1	0	3	?	?	0
PEJ 1230	1	1	1	0	2	1	1	6	0	0	0
PEJ 1243	0	1	1	0	0	1	5	3	0	?	0
PEJ 1277	1	1	1	0	1	1	2	2	0	0	0
PJAN1181	1	1	1	0	2	1	2	3	0	?	0
PJAN1202	1	1	0	0	0	1	1	2	1	0	3
UCRC629	1	1	0	0	2	1	0	3	1	0	3
PJAN1037	1	1	0	0	2	1	1	2	1	0	0
PJAN1040	1	0	1	0	3	1	2	4	0	0	0
PEJ 1285	?	1	1	0	1	1	2	4	0	?	3
PEJ 1255	1	1	1	0	0	1	2	3	0	?	0
PJAN1194	1	1	1	0	0	1	2	4	0	?	0
GDEL3080	1	0	1	0	2	1	0	?	0	0	0
PJAN1162	1	0	1	0	2	1	0	5	0	0	0
PEJ 1257	0	1	1	0	0	1	2	1	0	0	0
PEJ 1253	1	1	1	0	1	1	2	3	0	0	0
PJAN1039	1	1	1	0	5	1	5	6	0	0	0
PJAN1034	1	1	1	0	4	1	2	5	0	2	0
PEJ 1280	1	0	1	0	3	1	1	5	0	0	2
GDEL3029	1	1	1	0	0	0	5	7	0	0	0
PJAN1038	1	0	1	0	3	1	4	5	0	0	0
GDEL3115	1	0	1	0	2	0	0	8	0	0	0
GDEL3052	1	0	1	0	3	1	0	6	0	2	0
GDEL3004	1	0	0	1	5	1	6	6	0	1	2
PJAN1163	2	0	1	0	5	1	0	4	0	0	0
PJAN1159	1	1	1	1	5	1	0	4	0	0	0
GDEL3057	1	?	1	0	0	0	4	4	0	2	0
GDEL3116	1	1	1	0	0	0	0	?	0	0	0
1987 02	?	0	1	0	0	?	0	?	?	?	?

10.5. Tabulka vzorků použitých v analýzách

Tabulka jedinců použitých v analýzách diplomové práce		Vysvětlení významu kódů: TOM - Torymidae: Megastigmidae, OR - Ormyridae, AS - Agaonidae: Sycophaginae, PTE - Epichrysomallinae, TOT - Torymidae: Toryminae: Torymini, TOTY - Torymidae: Toryminae: Torymidae: Torymidae: Monodontomerini, TOTO - Torymidae: Toryminae: Podagrionini, TOTP - Torymidae: Toryminae: Palachiini, TOTM - Torymidae: Microdontomerini, TOTC - Torymidae: Toryminae: Chalcimerini, TOTI - Torymidae: Toryminae: incertae sedis				
Vysvětlení značek pro jednotlivé genové úseky: 18S - a, 28SD2 - b, 28SD3-5 - c, EF-1 α - d, LCOHCO - e, JerryPat - f, Wingless - g, CytB - h		Typy metody izolace DNA: N - nedestruktivní, D - destruktivní, Nsep - částečně destruktivní				
Místo uložení izolátu: CBGP - Center for Biology and Management of Populations, INRA, Montferrier-sur-Lez, France, PJ - Petr Janšta, Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta, Katedra zoologie, Praha, Česká republika, UCR - Department of Entomology, University of California, Riverside,						
Unikátní kód jedince	Název jedince	Rod a druh jedince	Morfologická analýza	Kód	Osekvenované genové úseky	Lokalita
131715	Idarnotorymus_pulcherCBGP_1317_15	Idarnotorymus pulcher	NE	TOTM	abc*	FRANCE, Hérault
131721	Eridontomerus_spCBGP_1317_21	Eridontomerus sp	NE	TOTM	abc*	FRANCE, Hérault
133901	Glyphomerus_spCBGP_1339_01	Glyphomerus sp	NE	TOTI	abc*	FRANCE, Hérault
1868_08	Ormyrus_splndet ex Ficus tinctoria Malaysia	Ormyrus sp	NE	OR	abc*ef	MALAYSIA, Sarawak, Pa'Lungan
1987_02	Eurytomidae_	Eurytomidae sp	ANO	EU	abcdef	MALAYSIA, Sarawak, Pa'Lungan
2355_03	Epichrysomalinae_	Epichrysomalinae sp	NE	PTE	abcdef	INDONESIA, Papua Barat, Tanahauhuh rive
D2474	Glyphomerus_tibialis/europaeus CZECH REPUB	Glyphomerus tibialis/europaeus	NE	TOTI	abc*def	CZECH REPUBLIC, Budkovice
GDEL3004	Podagrion_Fundong 2 CAMEROUN	Podagrion sp	ANO	TOTO	abcdef	CAMEROUN, Nord Ouest
GDEL3009	Palmon_Oss@r@Gadou CAMEROUN	Palmon sp	NE	TOTP	abcdef	CAMEROUN, Adamaoua
GDEL3023	Exopristus_trigonomerus FRANCE	Exopristus trigonomerus	NE	TOTI	abcdef	FRANCE, Hérault
GDEL3024	Idarnotorymus_pulcher FRANCE	Idarnotorymus pulcher	NE	TOTM	abcdef	FRANCE, Gard
GDEL3026	Pseuderimerus_Paiolive FRANCE	Pseuderimerus sp	NE	TOTM	abcde	FRANCE, Ardèche
GDEL3029	Torymus_genovefae_groupaetaus FRANCE	Torymus genovefae_groupaetaus	ANO	TOTT	abcdefg	FRANCE, Aveyron
GDEL3044	Microdontomerus_Valdeblore FRANCE	Microdontomerus sp	NE	TOTM	abcdef	FRANCE, Alpes-Maritimes
GDEL3045	Idiomacromerus_Valdeblore FRANCE	Idiomacromerus sp	NE	TOTM	abcdefgh	FRANCE, Alpes-Maritimes
GDEL3046	Torymoides_kiesenwetteri FRANCE	Torymoides kiesenwetteri	NE	TOTY	abcdfg	FRANCE, Alpes-Maritimes
GDEL3052	Monodontomerus_Mercantour 1 FRANCE	Monodontomerus sp	ANO	TOTN	abcdefg	FRANCE, Alpes-Maritimes
GDEL3057	Megastigmus_stigmatizans FRANCE	Megastigmus stigmatizans	ANO	TOM	abcdeg	FRANCE, Corse
GDEL3064	Microdontomerus_annulatus FRANCE	Microdontomerus annulatus	NE	TOTM	abcdef	FRANCE, Hérault
GDEL3065	Idiomacromerus_Larzac FRANCE	Idiomacromerus sp	NE	TOTM	abcdef	FRANCE, Hérault

Tabulka vzorků použitých v analýzách 1/5

Unikátní kód jedince	Název jedince	Rod a druh jedince	Morfologická analýza	Kód	Osekvenová né genové úseky	Lokalita
GDEL3074	Glyphomerus_tibialis FRANCE	Glyphomerus tibialis	NE	TOTI	abcdefh	FRANCE, Hérault
GDEL3076	Eridontomerus_arrabonicus FRANCE	Eridontomerus arrabonicus	NE	TOTM	abcdf	FRANCE, Aveyron
GDEL3077	Idiomacromerus_Banyuls FRANCE	Idiomacromerus sp	NE	TOTM	abcdef	FRANCE, Pyrénées-Orientales
GDEL3080	Glyphomerus_tibialis FRANCE	Glyphomerus tibialis	ANO	TOTI	abcdef	FRANCE, Hérault
GDEL3081	Idiomacromerus_Escalette FRANCE	Idiomacromerus sp	NE	TOTM	abcdef	FRANCE, Hérault
GDEL3088	Glyphomerus_stigmaUCRC_ENT_175178	Glyphomerus stigma	NE	TOTI	abcdef	FRANCE, Gard
GDEL3115	Glyphomerus_stigma FRANCE	Glyphomerus stigma	ANO	TOTI	abcdefg	FRANCE, Gard
GDEL3116	Ormyrus_sp1 Ferlach AUSTRIA	Ormyrus sp1	ANO	OR	abcdef	AUSTRIA, Kärnten
JN623860	Boucekinus_tatianaepJ0025 COSTA RICA	Boucekinus tatianaep	NE	TOTY	abcde	COSTA RICA, La Selva
JN624264	Eridontomerus_sp1PJ0026 ARGENTINA	Eridontomerus sp1	NE	TOTM	abcd	ARGENTINA, Mendoza
JN624265	Idarnotorymus_pulcher Croatia	Idarnotorymus pulcher	NE	TOTM	bcd	CROATIA, Kupari
JN624266	Microdontomerus_sp_ArizonaPJ0008 USA	Microdontomerus sp	NE	TOTM	abcde	USA, Arizona, Phoenix
JRAS1001	Ormyrus_2388-10	Ormyrus sp	NE	OR	abcdef	TAIWAN, Taipei
JRAS1003	Physothorax_005-6	Physothorax sp	NE	TOTT	abcdef	TAIWAN, Taipei
PEJ_1228	Eridontomerus_sp??? France	Eridontomerus sp	NE	TOTM	efh	FRANCE, Hérault
PEJ_1229	Eridontomerus_isosomatis? Turkey	Eridontomerus isosomatis	NE	TOTM	cdefh	TURKEY, Adana
PEJ_1230	Eridontomerus_laticornis France	Eridontomerus laticornis	ANO	TOTM	bcde*fh	FRANCE, Hérault
PEJ_1231	Adontomerus?_isosomatis? Turkey	Adontomerus? isosomatis?	NE	TOTM	cefh	TURKEY, Adana
PEJ_1232	Eridontomerus_fulviventris Turkey	Eridontomerus fulviventris	NE	TOTM	bdefh	TURKEY, Adana
PEJ_1234	Eridontomerus_biroi Turkey	Eridontomerus biroi	NE	TOTM	cdefgh	TURKEY, Adana
PEJ_1235	Eridontomerus_biroi Turkey	Eridontomerus biroi	NE	TOTM	de	TURKEY, Adana
PEJ_1236	Eridontomerus_isosomatis Turkey	Eridontomerus isosomatis	NE	TOTM	cdef	TURKEY, Adana
PEJ_1237	Eridontomerus_laticornis Turkey	Eridontomerus laticornis	NE	TOTM	bcde*fh*	TURKEY, Adana
PEJ_1242	Eridontomerus_laticornis Turkey	Eridontomerus laticornis	NE	TOTM	de*	TURKEY, Adana
PEJ_1243	Adontomerus_spran Iran	Adontomerus spran	ANO	TOTM	abcdef	IRAN, Lorestan
PEJ_1244	Idarnotorymus_biroi Turkey	Idarnotorymus biroi	NE	TOTM	defh	TURKEY, Adana
PEJ_1245	Eridontomerus_biroi Turkey	Eridontomerus biroi	NE	TOTM	def	TURKEY, Adana
PEJ_1246	Eridontomerus_isosomatis Turkey	Eridontomerus isosomatis	NE	TOTM	e	TURKEY, Adana
PEJ_1247	Eridontomerus_isosomatis Turkey	Eridontomerus isosomatis	NE	TOTM	eh	TURKEY, Adana

Tabulka vzorků použitých v analýzách 2/5

Unikátní kód jedince	Název jedince	Rod a druh jedince	Morfologická analýza	Kód	Osekvenované úseky	Lokalita
PEJ_1248	Idarnotorymus_biroi? Italy	Idarnotorymus biroi?	NE	TOTM	ef	ITALY, Toscana env.
PEJ_1249	Eridontomerus_biroi Italy	Eridontomerus biroi	NE	TOTM	efh	ITALY, Toscana env.
PEJ_1250	Eridontomerus_fulviventris Italy	Eridontomerus fulviventris	ANO	TOTM	abcde*fh*	ITALY, Toscana env.
PEJ_1253	Idiomacromerus_UAE	Idiomacromerus	ANO	TOTM	abcdefh	UNITED ARAB EMIRATES, Wadi Shawkah
PEJ_1255	Microdontomerus_UAE	Microdontomerus	ANO	TOTM	abcdefh*	UNITED ARAB EMIRATES, Wadi Bih dam
PEJ_1257	Idiomacromerus_UAE	Idiomacromerus	ANO	TOTM	abcdf	UNITED ARAB EMIRATES, Bithnah
PEJ_1267	Eridontomerus_biroi CANADA	Eridontomerus biroi	ANO	TOTM	abcdefh	CANADA, Ontario
PEJ_1268	Eridontomerus_biroi CANADA	Eridontomerus biroi	NE	TOTM	abcde	CANADA, Ontario
PEJ_1272	Glyphomerus_aylax Bulgaria	Glyphomerus aylax	NE	TOTI	abcdefh	BULGARIA, Dzhendemtepe, Plovdiv
PEJ_1273	Exopristoides_hypecoi Bulgaria	Exopristoides hypecoi	NE	TOTM	abcde	BULGARIA, Dzhendemtepe, Plovdiv
PEJ_1274	Thaumatorymus_notanisoides Turkey	Thaumatorymus notanisoides	NE	TOTI	abcde*	TURKEY, Adana
PEJ_1277	Adontomerus_impolitus Spain	Adontomerus impolitus	ANO	TOTM	abcdefh	SPAIN, Arino
PEJ_1280	Echthrodape_sp Madagascar	Echthrodape sp	ANO	TOT	abcef	MADAGASCAR, Fianarantsoa prov.
PEJ_1285	Microdontomerus_sp_Arizona	Microdontomerus sp	ANO	TOTM	abcdef	USA, Arizona, Yuma
PEJ_1286	Idiomacromerus_sp_Arizona	Idiomacromerus sp	NE	TOTM	abcdeh*	USA, Arizona, Yuma
PJ0027	Eridontomerus_biroi? Argentina	Eridontomerus biroi?	NE	TOTM	abcdefh	ARGENTINA, Mendoza
PJAN1005	Microdontomerus_sp1UAE UAE	Microdontomerus sp1	NE	TOTM	abcde*f	UNITED ARAB EMIRATES, Wadi Madaq
PJAN1015	Megastigmus_sp1AUSTR AUSTRALIA	Megastigmus sp1	NE	TOM	abcdeg	AUSTRALIA
PJAN1019	Torymus_subnudus RSA	Torymus subnudus	NE	TOTT	abcdef	REPUBLIC of SOUTH AFRICA
PJAN1021	Palachia_sp1INDIA INDIA	Palachia sp1	NE	TOTP	abcfg	INDIA, Kerala
PJAN1024	Chileana gen. nov._sp1CHILE CHILE	Chileana gen. nov. sp1	NE	TOTN	abcdefg	CHILE, Chiloe Isl.
PJAN1029	Perissocentrus_sp2CHILE CHILE	Perissocentrus sp2	NE	TOTN	abcdefg	CHILE, Chiloe Isl.
PJAN1032	Pseudotorymus_sp1CHILE CHILE	Pseudotorymus sp1	NE	TOTY	abcfg	CHILE, Chiloe Isl.
PJAN1033	Idiomacromerus_papaveris PORTUGAL	Idiomacromerus papaveris	NE	TOTM	bcdefg	PORTUGAL, Junqueira
PJAN1034	Exopristus_trigonomerus PORTUGAL	Exopristus trigonomerus	ANO	TOTI	abcdefh	PORTUGAL, Junqueira
PJAN1036	Eridontomerus_arrabonicus CZECH REPUBLIC	Eridontomerus arrabonicus	ANO	TOTM	abcdefh	CZECH REPUBLIC, Raná
PJAN1037	Pseuderimerus_luteusUCRC_ENT_D2475 CRC	Pseuderimerus luteus	ANO	TOTM	abcdefh	CROATIA, Srebreno
PJAN1038	Pseudotorymus_sapphyrinus HUNGARY	Pseudotorymus sapphyrinus	ANO	TOTY	abcdefg	HUNGARY, Kunbaracs
PJAN1039	Idarnotorymus_pulcher CROATIA	Idarnotorymus pulcher	ANO	TOTM	abcdefh	CROATIA, Srebreno

Tabulka vzorků použitých v analýzách 3/5

Unikátní kód jedince	Název jedince	Rod a druh jedince	Morfologická analýza	Kód	Osekenovane genové úseky	Lokalita
P-JAN1040	Cryptopristus_caliginosus izolat DP 21 CZECH	Cryptopristus caliginosus	ANO	TOTI	abcdef	CZECH REPUBLIC, Pálava, Klentnice
P-JAN1049	Ditropinotus_sp1USA CALIFORNIA	Ditropinotus sp1	ANO	TOTM	abcdef	USA, California, Kern
P-JAN1067	Pseuderimerus_sp1USA USA	Pseuderimerus sp1	NE	TOTM	acd	USA, Arizona, Cochise
P-JAN1073	Pseudotorymus_sp1CANADA CANADA	Pseudotorymus sp1	NE	TOTY	abcdefg	CANADA, Ontario, Emo
P-JAN1076	Glyphomerus_sp1CANADA CANADA	Glyphomerus sp1	NE	TOTI	abcdefg	CANADA, Ontario, Mississippi Mills
P-JAN1077	Allotorymus_splendens CANADA	Allotorymus splendens	NE	TOTT	abcdef	CANADA, Manitoba, Winnipeg
P-JAN1096	Cryptopristus_sp2CANADA CANADA	Cryptopristus sp2	NE	TOTI	abcdef*	CANADA, Quebec, La Belle-Anse
P-JAN1103	Bootanomyia_sp1AUSTR AUSTRALIA	Bootanomyia sp1	NE	TOM	abcdefg	AUSTRALIA, Canberra
P-JAN1108	Eridontomerus_biroi CANADA	Eridontomerus biroi	NE	TOTM	abcdef	CANADA, Alberta
P-JAN1137	Idiomacromerus_sp1AZ USA	Idiomacromerus sp1	NE	TOTM	abcdefg	USA, Arizona
P-JAN1149	Idiomacromerus_sp1PORT PORTUGAL	Idiomacromerus sp1	NE	TOTM	abcdefh	PORTUGAL, Faro
P-JAN1150	Idiomacromerus_sp2PORT PORTUGAL	Idiomacromerus sp2	NE	TOTM	abcdefg	PORTUGAL, Faro
P-JAN1159	Chalcimerus_borceai TURKEY	Chalcimerus borceai	ANO	TOTC	abcdef	TURKEY, Adana
P-JAN1160	Adontomerus_impolitus Spain	Adontomerus impolitus	NE	TOTM	abcdf	SPAIN, Arino
P-JAN1162	Glyphomerus_aylax Bulgaria	Glyphomerus aylax	ANO	TOTI	abde*	BULGARIA, Plovdiv
P-JAN1163	Exopristoides_hypecoi Bulgaria	Exopristoides hypecoi	ANO	TOTM	abcd*g	BULGARIA, Plovdiv
P-JAN1164	Thaumatorymus_notanisoides Turkey	Thaumatorymus notanisoides	NE	TOTI	abcde	TURKEY, Adana
P-JAN1165	Idiomacromerus_sp1 Turkey	Idiomacromerus sp1	NE	TOTM	abcdefg*h	TURKEY, Adana
P-JAN1166	Eridontomerus_sp1 Turkey	Eridontomerus sp1	NE	TOTM	a*cdefg*	TURKEY, Adana
P-JAN1180	Torymoides_dispar Turkey	Torymoides dispar	NE	TOTY	abcef	TURKEY, Adana
P-JAN1181	Idiomacromerus_arcus Turkey	Idiomacromerus arcus	ANO	TOTM	abcdef	TURKEY, Adana
P-JAN1182	Idiomacromerus_sp1 Turkey	Idiomacromerus sp1	NE	TOTM	acdef	TURKEY, Adana
P-JAN1183	Eridontomerus_laticornis Turkey	Eridontomerus laticornis	NE	TOTM	abcdefh	TURKEY, Adana
P-JAN1184	Adontomerus_impolitus Spain	Adontomerus impolitus	NE	TOTM	abce*f**	SPAIN, Arino
P-JAN1186	Eridontomerus_bouceki Iran	Eridontomerus bouceki	NE	TOTM	abcdef	IRAN, Lorestan
P-JAN1189	Glyphomerus_flavabdomen Canada	Glyphomerus flavabdomen	NE	TOTI	abcdef	CANADA, Quebec
P-JAN1190	Idiomacromerus_sp2 Turkey	Idiomacromerus sp2	NE	TOTM	abcdef	TURKEY, Adana
P-JAN1191	Idiomacromerus_arcus Turkey	Idiomacromerus arcus	NE	TOTM	acde	TURKEY, Adana
P-JAN1194	Idiomacromerus_irisidis Turkey	Idiomacromerus irisidis	ANO	TOTM	abcdefh	TURKEY, Hamydie

Tabulka vzorků použitých v analýzách 4/5

Unikátní kód jedince	Název jedince	Rod a druh jedince	Morfologická analýza	Kód	Osekvenované genové úseky	Lokalita
PJAN1202	<i>Pseuderimerus mayetiollae</i> USA	<i>Pseuderimerus mayetiollae</i>	ANO	TOTM	acdfh	USA, Arizona
PJAN1206	<i>Cryptopristus caliginosus</i> Portugal	<i>Cryptopristus caliginosus</i>	NE	TOTM	abcdef*	PORTUGAL, Faro
PJAN1216	<i>Eridontomerus isosomatis</i> France	<i>Eridontomerus isosomatis</i>	ANO	TOTM	abcde*f	FRANCE, Hérault
PJAN1289	<i>Eridontomerus</i>	<i>Eridontomerus</i> sp	NE	TOTM	def	IRAN, Fasa
PJAN1290	<i>Eridontomerus</i>	<i>Eridontomerus</i> sp	NE	TOTM	df	IRAN, Fasa
PJAN1291	<i>Idiomacromerus</i>	<i>Idiomacromerus</i> sp	NE	TOTM	bcdef	IRAN, Gherameh
PJAN1295	<i>Zeala</i>	<i>Zeala</i> sp	NE		abcdef	NEW ZEALAND, Arthur's Pass
UCRC299	<i>Pseuderimerus burgeri</i> UCRC_ENT_161299	<i>Pseuderimerus burgeri</i>	NE	TOTM	abc*df	USA, California, Riverside
UCRC475	<i>Echthrodape_sp</i> D0255UCRC_ENT_91475	<i>Echthrodape</i> sp	NE	TOTI	bc*df	AUSTRALIA, QLD
UCRC629	<i>Erimerus wickhami</i> UCRC_ENT_46629 CALIF	<i>Erimerus wickhami</i>	ANO	TOTM	a*b*cd	USA, California, Wileys Well Road

Tabulka vzorků použitých v analýzách 5/5