

Hned na začátek bych rád školitelku, školitele specialistu či kohokoliv jiného zodpovědného, pochválil za dobře zvolené téma. Stejně jako v případě souběžně obhajované práce Pavlína Věchtové to byla vhodně namíchaná kombinace jednoduché metodiky, poskytující v podstatě jisté výsledky, vědecké aktuálnosti a ekonomicky zajímavé modelové skupiny s možností praktického využití výstupů.

Předkládaná práce si klade za cíl optimalizovat extrakci DNA z larev bejlomorek. Z předem vytypovaných molekulárních markerů vybrat ty nevhodnější pro mezidruhovou/rodovou identifikaci a pokusit se tyto markery zpětně aplikovat na zvolené taxonomické komplexy morfologicky špatně odlišitelných druhů. Má standardní členění a možná trochu nadprůměrnou velikost. Úroveň češtiny je až na malé výjimky také spíše nadprůměrná. V Úvodu nás autorka seznamuje se studovanou skupinou i molekulární taxonomií obecně. Čtenář se v ní dozví vše podstatné, rozhodně mu pomůže uvést do problematiky. Cíle práce jsou formulovány věcně a srozumitelně. Pouze metodická část je, i když ne tak jako v případě kolegyně, dle mého názoru opět zbytečně nafouklá, ale budiž, snad to někomu v budoucnosti poslouží...

Výsledky jsou předkládány logicky a srozumitelně. Stejně jako v případě kolegyně Věchtové se podařilo amplifikovat pouze dva lokusy (v tomto případě COI a ITS), nějak ale postrádám více informací o tom, co všechno autorka podnikla pro úspěšnou amplifikaci zbývajících dvou markerů. I zde mám také výhrady ke grafické kvalitě prezentovaných dendrogramů a nadbytečnosti některých údajů (procentuální zastoupení jednotlivých bazí). Použitá metodika je pro potřeby bakalářské práce adekvátní, ale důrazně bych se přimlouval za zařazení sekvencí dostupných v genové bance. Rozhodně by práci spíše pomohly a argument o tom, že by mohly analýzy zkusit mi přijde trochu alibistický. Ano, mohly, ale také nemusely a dokud tak autorka neučiní, tak to nezjistí.

Bohužel, největší problém představuje lokus ITS, kde u mezidruhového porovnání docházelo ke značnému překryvu, který se v příslušném dendrogramu objevuje v podobě para/polyfylie některých taxonů. Tento překryv může být samozřejmě způsoben přirozenou variabilitou a v tomto případě by nezbývalo nic než pokrčit rameny. Použití ITS ovšem s sebou nese riziko výskytu paralogů. Z vlastní zkušenosti (a samozřejmě i literatury) vím, že u některých skupin je v genomu jedince přítomno několik různých kopií ITS, které se sekvencně mohou dosti lišit. Vzniklá umělá variabilita pak někdy i velmi zásadně zkresluje výsledky (zájemcům doporučuji kontaktovat J. Štefku či V. Hypšu z Parazitologického ústavu). Tomuto artefaktu se dá někdy zabránit přímou sekvenací z PCR produktů, případně sekvenováním většího počtu klonů z jednoho jedince a porovnáním sekvencí. Z textu práce však není patrné, že by si autorka byla podobného rizika vědoma, ani že by se proti němu bránila výše uvedenými kroky. Abych nebyl nespravedlivý, těžko z toho vinit nebohou bakalantku, navíc když tímto problémem trpí spousta publikovaných prací (pod jednu z nich jsem bohužel podepsán i já). Pro další použití tohoto markeru je však třeba s podobným rizikem počítat a připravit se na něj.

Dizkuze je poměrně detailní a zároveň věcná a strážlivá. Její úroveň mě rozhodně příjemně překvapila a nemám větších připomínek. U některých taxonů se díky geograficky širokému samplingu podařilo získat velmi cenná data naznačující, že geografické bariéry mohou být v případě některých druhů pro speciaci důležitějším faktorem než hostitelská specifita. Jaký má na to názor autorka? (Ano, to je otázka k zodpovězení plénu). Rozhodně doporučuji vzorek obohatit a rychle opublikovat.

Až na drobné výjimky se mi práce líbí. Renata splnila všechny vyčtené cíle v intencích bakalářského stupně. Úspěšné obhajobě dle mého nejlepšího vědomí a svědomí nic nebrání a předběžně navrhuji ohodnotit známkou výborně.