

Oponentský posudek na bakalářskou práci Radky Jungové "Nukleotidová variabilita genu *Idgf4* u *Drosophila melanogaster*"

Předkládaná bakalářská práce si klade za cíl charakterizovat vybraný vzorek afrických, českých a japonských exemplářů druhu *Drosophila melanogaster* pomocí sekvence genu pro *Idgf4*. Z těchto sekvencí, respektive nukleotidové variability, se pak pokusila autorka odhadnout faktory, které se podílely na strukturování rodičovských populací.

Hned na začátku je třeba zdůraznit, že jde o práci bezpochyby kvalitní. Téma je z pohledu současné populační genetiky aktuální, bylo zvoleno velmi vhodně a je zasazeno do širšího kontextu, takže výsledky mají předpoklad nezapadnout do knihovny Biologické fakulty, jak je tomu stále ještě ve většině bakalářských i magisterských prací zvykem. Množství získaných dat (nukleotidů), alespoň pokud je mi známo a pokud jsem se správně dovtípil, je naprosto ojedinělé (i na získání magisterského stupně u nás stále stačí mnohem méně). Práce má jasnou a logickou strukturu, data jsou vyhodnocena pomocí standardní metodiky, práce s literárními prameny je uspokojivá, závěry jsou formulovány srozumitelně a logicky, vytyčené cíle se v nich až na výjimky povedlo splnit. Tolik k hlavním pozitivům, které podle mého názoru nad negativy jednoznačně převažují.

Nyní k nedostatkům. Po formální stránce jich je vzhledem k předpokládaným zkušenostem autorky až překvapivě málo, i když nějaké překlepy či gramatické chyby se samozřejmě najdou vždycky. Chyběla mi zejména informace o délce osekvenované části genu. Pokud jsem správně odhadl z grafů obsažených v přílohách a sekvence byly cca 2,5 kb dlouhé, jedná se o nepochopitelné opomenutí, neboť ještě více by tak vynikla autorčina péle. Jazyk práce je věcný a stručný, spíše nadprůměrný. Občas se však autorka nevyhnula doslovným překladům či neuvedeným citováním magisterské práce M. Novákové (s níž sdílí možná více než je zdrávo) a formulačním nepřesnostem (např. překlad anglického termínu alignment jako srovnání není příliš přesný). I když sekvenční variabilita byla vyhodnocena v zásadě správnou metodikou, nemohu se ubránit dojmu, že po teoretické stránce není autorka příliš "pevná v kramflecích". Pro srovnání sekvencí bych z klasických fylogenetických metod doporučil místo dnes již překonané (i když mnoha autory stále používané) metody Neighbour joining buď maximální parsimonii či maximální věrohodnost (maximum likelihood), případně jednu z metod vycházejících z koalescenčního teorému (například statistickou parsimonii). Rovněž program DnaSP je zde využit možná až příliš beze zbytku. Některé parametry, které nejsou v práci dostatečně vysvětleny a oddiskotovány je zbytečné uvádět. Uvědomuji si ovšem, že poslední výtky rozhodně přesahují rámec bakalářského stupně a jsou tak trochu "unfair". Zde bych viděl prostor doporučit aktivitu k případnému růstu pro magisterskou práci.

I přes uvedené výtky rád zdůrazňuji, že předkládaná práce rozhodně splňuje všechny požadavky pro její úspěšné obhájení. S jejím ohodnocením známkou bych však počkal až po shlédnutí samotné obhajoby.

Aleš Horák