

Dagmar Jirsová: Molekulární fylogeneze motolic čeledi Opistorchiidae a Heterophyidae
Oponentský posudek

Práce Dagmar Jirsové je svým zadáním a zaměřením standardní fylogenetickou studií zahrnující obvyklé kroky: výběr studované skupiny a její představení čtenáři, výběr genů, sekvenování, fylogenetická analýza, interpretace výsledků. Jako taková je tedy jistě vhodně zvoleným modelovým problémem pro laboratorní bakalářskou práci. Autorka v ní prokázala, že si se základním přístupem ke studiu fylogeneze pomocí molekulárních dat dokáže poradit.

Fakt, že se nepodařilo z různých (většinou zřejmě metodických) důvodů jednoznačně dosáhnout vytčeného cíle, nepovažuji u bakalářské práce za příliš důležitý. Závažnější jsou podle mého názoru některé koncepční a metodické nedostatky v jednotlivých částech práce:

- Ze šesti stránek úvodu je naprostá většina tvořena popisem studovaných druhů. Tato část je proložena opakovaným uvedením jediné citace (Jíra, 1998), a to v podstatě za každým odstavcem. Znamená to tedy, že je celá tato část (tj. naprostá většina úvodního textu) „opsána“ z knihy *Lékařská helmintologie*, bez jakékoliv snahy doplnit text o informace z další literatury? Pokud tomu tak není, pak v textu chybí příslušné citace.
- Naprostá většina úvodního textu nemá naprosto žádný vztah k prováděné analýze. Text se zabývá popisem jednotlivých druhů studované skupiny motolic – jejich morfologií, bionomií, významem, atd. Nikterak z něj tedy nevyplývá motivace pro následnou analýzu. (Nejlépe je tento problém patrný z faktu, že v diskusi se neobjevuje naprosto žádná návaznost na tuto část úvodu).
- Příímý vztah k fylogenetické analýze mají pouze dva krátké odstavce na samém počátku úvodu, které konstatují, jaký je současný stav názorů na fylogenezi tří příbuzných čeledí motolic (Opistorchiidae, Heterophyidae a Cryptogominidae). Ani toto shrnutí ovšem nedává smysl: pokud konstatují, že jedna ze tří čeledí je považována za bazální, pak nemohu říci, že postavení kterékoliv další čeledí je nejasné (při třech taxonech už je postavení zbývajících dvou naprosto jasné).
- Zvolené metody považuji za adekvátní, snad by se vyplatilo více se zabývat různým nastavením parametrů při použití maximální parsimonie (a vyvarovat se užívání výrazu heuretický namísto heuristický). Stejně tak by vzhledem k nestabilitě získaných výsledků bylo vhodné provést nějaký typ testů (likelihood ratio test, analýza „konstraintovaných“ stromů, apod).
- Ačkoliv jde o čistě formální záležitost, upozorňuji autorku, že v obrázku 1 je čeleď zvolená za outgroup znázorněna v parafyletické podobě. Předpokládám, že nejde o záměr, ale nedopatření (?).

Shrnutí: neúspěch v experimentální části není obecně u bakalářských prací žádným problémem – lze jej dobře nahradit rešeršním zaměřením práce. V tomto případě se o to však autorka nijak vážně nepokusila. Úvod práce i diskuse jsou velmi povrchním textem bez zjevnější snahy proniknout do problematiky molekulární fylogenetiky a její aplikace na vybrané skupiny motolic.

Z formálního hlediska text splňuje podmínky bakalářské práce a po věcné stránce dokládá schopnost autorky samostatně pracovat na zadaném tématu. Práci doporučuji k obhajobě a návrh hodnocení ponechávám až na tuto obhajobu.

V Českých Budějovicích, 1.6.2007

Václav Hypša