

Oponentský posudek na bakalářskou diplomovou práci

*Petr Drahník: Studium populací *Melampyrum nemorosum* v oblasti kontaktní zóny dvou linií s odlišnou geografickou distribucí*

Předložená bakalářská práce zkoumá rozdíly ve velikosti genomu a morfologii mezi dvěma haplotypovými liniemi *Melampyrum nemorosum*. Autor navazuje na předešlé výzkumy školitele, což má jednu výhodu a jednu nevýhodu. Výhoda je v tom, že mohl od školitele získat zasvěcený pohled a detailní informace o každém aspektu studovaného tématu; tato výhodná situace je bohužel poměrně málo využita. Zjevnou nevýhodou – a pro začínajícího bakalářského studenta zvláště – je, že jde vesměs o nepublikovaná data, na která se tím pádem špatně odvolává a asi se s nimi hůř pracuje než kdyby již byla v podobě standardního článku s definitivními obrázky, tabulkami, diskusí, atd. Toto je třeba mít při hodnocení práce na paměti.

Mezi klady předložené bakalářské práce řadím to, že zahrnuje více metod (průtoková cytometrie, sekvenování DNA, morfometrická analýza) a výsledky jsou zhodnoceny adekvátními statistickými postupy. V tomto ohledu práce dobře splnila svůj účel – student se naučil řadu metod a získal i zajímavé výsledky. Metodika je popsána vesměs dostatečně (s drobnými nepřesnostmi zejména v popisu statistických metod). Množství citované literatury je nadprůměrné (ale překvapuje mě absence práce Loureiro et al. 2010, *Preslia*, která je přímo k tématu a školitel je spoluautorem) a literární úvod má celkem logickou strukturu a míří k tématu jen s drobnými odbočkami. Formální a grafická úprava je dobrá, i když příště doporučuji dát si pozor na export obrázků (aby vytištěné vypadaly hezky). Jazyková úroveň je průměrná – text se čte dobře, ale trpí obvyklými nešvary současné mladé generace, která ignoruje drobné významové rozdíly (viz např. „distribuce“ v názvu práce bych v češtině v tomto významu nepoužil), o interpunkci a přičestí minulém ani nemluvě.

Pokud jde o výraznější nedostatky, lze vytknout nepřesnost ve vyjadřování (takže občas i věty v jednom odstavci nejsou zcela v souladu), toto by šlo jistě odstranit, kdyby byl čas přečíst si po napsání celý text v klidu znovu. Nepřesnosti jsou v popisu statistických metod i v popisu molekulárních metod (např. Tab. 2, kde je denaturace zaměněna za amplifikaci). Zatímco chyby ve statistice jsou u bakalářské práce pochopitelné, některé jiné jsou zcela zbytečné a stačilo by trochu více pozornosti při psaní. Podobně to platí pro přílohy 1 (seznam populací) a 3 (morfologické znaky). V seznamu populací chybí standardně uváděné údaje sběratel a datum sběru (a podotýkám, že by vůbec nevadilo, pokud většinu lokalit v terénu nesbíral student osobně) a zkratky populací nesouhlasí se zkratkami použitými ve výsledcích morfometrických analýz. Do přílohy 1 by také bylo dobré včlenit informace z nepřehledného obr. 9. Pokud jde o přílohu 3, uvedení průměrů morfologických znaků považuji za nedostatečné. Chybí jednotky, ve kterých byly znaky měřeny, a dále by bylo vhodné – a v taxonomické práci zvláště – uvést nějakou charakteristiku variability, rozsah hodnot atd. (což se spočte velmi snadno v kterémkoliv statistickém programu).

Zvláštní komentář musím věnovat citacím. Ty jsou zpracovány ostudně. V textu jsem našel odkazy na 7 prací, které chybí v seznamu literatury. Některé práce jsou citovány chybně, např. Olmstead et al. 2001 (str. 1) má být Olmstead & Reeves 2001, Těšitel 2010 (str. 5) má být Těšitel et al. 2010. Některé práce jsou citovány s chybným letopočtem, atd. Seznam literatury asi nebyl žádným způsobem sjednocován, odhadem se zde vyskytuje asi tak 10 různých formátování. Práce Těšitel et al. 2010 (v časopise *Planta*) je uvedena 2×, totéž *Flora Europaea* (Soó & Webb 1972), u které jsou navíc obě citace s chybami.

Největší slabinou práce ale je celková struktura. Práce se zaměřuje na konkrétní analýzy (sekvenování, FCM, morfometrika) vybraných populací a analýzu primárních dat, a v tomto ohledu je celkem zdařilá. Naopak o pozadí, proč se práce dělala a dělala právě tímto způsobem a co lze z výsledků vyčíst, se dozvíme málo. Úvod – co už je k tématu známo – má bez obrázků asi 1 a čtvrt strany. Diskuse má 2,5 strany, výsledky jednotlivých metod nejsou moc propojeny a zajímavá témata jsou diskutována stručně a nebo vůbec a chybí srovnání s jinými případy (například o morfologii populací v kontaktní zóně dvou druhů by se jistě nějaké práce našly). U bakalářské práce

by to přitom podle mého názoru mělo být naopak. Z toho vyplývají mé otázky k diskusi při obhajobě:

1) V metodice (str. 15) se píše, že pro extrakci DNA byly sbírány 1–3 rostliny na populaci. To jistě není pravda, to je počet, který byl sekvenován. Práce se zabývá kontaktní zónou, teoreticky by bylo možné čekat smíšené populace různých haplotypů. Při takto malém počtu sekvenovaných rostlin je ale malá šance případné smíšené populace odhalit. Proč tedy byla zvolena právě tato metodika? A proč nebyl navýšen počet vzorků alespoň u populací, které vyšly „divně“ (unikátní haplotyp, nesoulad cpDNA a morfologie).

2) Podle sekvencí cpDNA byly vylíšeny 4 skupiny haplotypů (str. 25–26). Ve všech ostatních analýzách (FCM, morfologie) se ale mluví jen o třech, 4. skupina (unikátní haplotyp z jedné populace Drienčanského krasu) chybí. Proč? Podle obrázku 9 byla z této populace k dispozici morfologická i cytometrická data.

3) Průtoková cytometrie odhalila velkou variabilitu v rámci jednotlivých skupin (15,5%, 9,6% a 3,2%), která je mnohem větší než rozdíly mezi skupinami (sever–jih 4,5%). Tento velmi zvláštní a asi nečekaný výsledek není v práci vůbec diskutován. Čím si tak velkou variabilitu vysvětlujete?

4) Tři populace jižního haplotypu se podle morfologie seskupovaly s populacemi severního haplotypu. V diskusi je to vysvětlováno fenotypovou plasticitou (měřené znaky na květech ale bývají většinou stabilní) nebo hybridizací. Máte nějaká další data? Mají třeba tyto populace intermediární velikost genomu? Také bych doporučoval tyto populace vyřadit z diskriminačních analýz, myslím, že do značné míry způsobují špatné odlišení skupin.

5) Byly odhaleny čtyři skupiny haplotypů. Podle úvodu a fylogenetického stromu (obr. 2) není severní skupina sesterská ke zbylým, jakoby šlo o jiný druh. V diskusi (str. 41) se jednou větou naznačuje možnost klasifikace jako samostatných taxonů, ale bez podrobností. Jak tedy k variabilitě v cpDNA přistupovat? Máte nějaký – byť velmi předběžný – názor?

Práce Petra Drahníka splňuje nároky kladené na bakalářské práce a doporučuji ji k obhajobě. Vzhledem k uvedeným připomínkám navrhuji hodnocení **velmi dobře**.

V Českých Budějovicích, 9.1.2014


Petr Koutecký