

Oponentský posudek na bakalářskou práci Pavlíny Kočové

Genetická struktura populací tasemnice *Ligula intestinalis*

Pavlína Kočová se ve své bakalářské práci věnuje studiu fylogenetických a populačně biologických vztahů tasemnice *Ligula intestinalis*, celosvětově rozšířeného parazita rybožravých ptáků, jehož nejnápadnějším vývojovým stupněm z pohledu člověka je druhé larvální stadium (plerocercoid) vyvíjející se v břišní dutině širokého spektra sladkovodních ryb. Předkládaná práce navazuje na předchozí zdařilé studie z pera školitele či jeho kolegů, které v průběhu posledních let přinesly významné množství molekulárních dat a poskytly nejdříve jedny z prvních informací a následně detailnější vhled do nepřehledné systematiky a zcela neprobádané struktury populací tohoto parazita.

Bakalářská práce o rozsahu 41 stran včetně příloh je psaná v českém jazyce, tradičně členěna na úvod, cíle, metody, výsledky, diskuzi, závěr a seznam použité literatury a poskytuje dostatečné množství informací potřebných k porozumění dané problematice a dosažených výsledků. Práce je postavená na experimentálních datech, které studentka sama v průběhu svého studia získala a jejichž množství, dle mého názoru, převyšuje běžné kvantum experimentálních dat, které bývají součástí bakalářských prací v oboru. Při charakterizaci nových molekulárních dat sestávajících z 22 sekvencí každého z dvou mitochondriálních genů a celkem patnácti mikrosatelitních lokusů Pavlína využívá dobře zavedenou metodiku publikovanou v předchozích pracích svého školitele, nicméně i za těchto příhodných podmínek prokazuje schopnost rozpoznat a úspěšně řešit neočekávané metodické problémy, se kterými se při získávání sekvencí z dosud nestudovaných jedinců setkáváme. Z textu práce také jasně plyne, že si studentka velmi dobře osvojila základní metodiku dalšího zpracování sekvenčních a fragmentačních dat vybranými softwarovými nástroji a je schopná je dále analyzovat a dosažené výsledky interpretovat. Výše zmíněné fakty, tedy schopnost samostatně data získat, analyzovat a výstupům rozumět, pak považuji za velmi silné stránky a velké přednosti této bakalářské práce. Pavlína bude zcela jistě mít ve svém případném budoucím studiu na čem stavět.

Předkládaná bakalářská práce má z mého pohledu bohužel ale i o něco méně zdařilou stránku a tou je samotné zpracování textu práce. Zejména v úvodní části se velmi často setkáváme s kostrbatě a zbytečně komplikovaně formulovanými větami, jejichž smyslu může porozumět pouze člověk obeznámený s danou problematikou, který tuší, co se snaží autorka říci. Příčina nejspíše spočívá v nezkušenosti s přípravou vědeckých textů (což je v bakalářském stupni pochopitelné) a přímým překladem anglických formulací z literatury do českého jazyka. Pro ilustraci například věta na str. 3: "Detekce taxonomických vztahů a historie evoluce parazitů je důležitá nejen po poskytování vzorů rámců pro následující experimentální studie, ale i k lepšímu pochopení parazitismu v globálním měřítku."

K dalším drobnostem, se kterými se čtenář setkává napříč celým textem práce je nevhodné užívání kurzívy, která je mj. nesprávně použita i pro vyšší taxonomické jednotky než rody či názvy larválních stadií. Latinské názvy taxonů bych také neskloňoval. Citace v textu i v seznamu literatury jsou nejednotně formátovány, vyskytuje se v nich velmi mnoho překlepů a chyb, dvě citace v seznamu zcela chybí (Louhi et al. 2010, Loot et al. 2002) a pět jich naopak přebývá. Celkově by text práce profitoval z pečlivější kontroly, která by odhalila relativně časté překlepy, např. opakovaně vídaný "plerocercoid" či "holotyp" (namísto termínu haplotyp, str. 19). Může autorka vysvětlit rozdíl mezi termíny haplotyp a holotyp?

Při pročítání textu práce jsem se pozastavil na následujících místech:

str. 5: V prvních třech větách autorka tvrdí, že mikrosatelity se vyskytují "téměř náhodně" a že "Nejčastěji se můžeme setkat se dvou bázovou repeticí, ale ani tří nebo čtyř bázové opakování

nejdou neobvyklé." Opravdu se mikrosatelity v genomu vyskytují téměř náhodně a tandemově opakované jednotky mají délku 2–4 nukleotidy?

V textu se vyskytují všechny tři následující termíny: cytochrom oxidáza podjednotka I, COI, *cox1*. Je mezi nimi nějaký rozdíl?

str. 12 Tab. 1: Kterou zemí se myslí "Západní Afrika"? Není náhodou lokalita sběru "západoafrických vzorků" (Nwanedi Dam) situována v Jihoafrické republice?

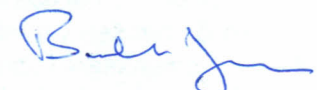
str. 16, kapitola 3.8: Převod sekvencí *cox1* a *cob* na haplotypy se prováděl dle metodiky až po konkatenaci těchto dvou genů. Teoreticky vzato, kdybychom pro stejný soubor jedinců osekvenovali další mitochondriální geny, navýšili bychom počet unikátních haplotypů, se kterými bychom dále pracovali. Má toto uvažování smysl? Bylo by to přínosem? Získávali bychom s rostoucím počtem sekvencí (a teoreticky tedy haplotypů) lepší vhléd do struktury populací nebo by v určitý moment šlo spíše již o zbytečné plýtvání finančními prostředky?

str. 19, kapitola 4.1: Z výsledků plyne, že zatímco osekvenováním mitochondriálních genů *cox1* a *cob* 13 vzorků z Turecka byly odhaleny dva nové haplotypy, osekvenováním 3 vzorků z Íránu 1 nový haplotyp, a každý ze dvou vzorků z Maďarska (H3 a H11) poskytl unikátní haplotyp (tedy celkem 2). Je možné vysledovat nějakou biologickou příčinu tohoto nepoměru nebo je to náhoda?

str. 22, kapitola 4.3: Z 2. a 4. odstavce plyne, že při analýze struktury populací v programu Structure je kritickým faktorem nalezení optimálního počtu klastrů, který poskytne nejvyšší hodnoty pravděpodobnosti ($\log L_n$) při současném zachování biologické interpretovatelnosti (či smysluplnosti) dat. V odstavci 4 pak autorka píše: "Druhá analýza byla zaměřena na podrobnější strukturu neevropských populací. Nejvyšší hodnota $\log L_n$ oscilovala kolem hodnot $K=7$ a $K=8$. Rozložení populací při $K=7$ se jeví jako nedostačující, alžírské populace byly přiřazeny k vzorkům *D. interrupta* z Východní Asie, což neodpovídalo výsledkům ze studie Štefka et al. 2009. Nejideálnější struktura populací byla tedy vygenerována pro $K=8$." Zdůvodnění, že rozložení populací se jeví jako nedostatečné neboť neodpovídalo dříve publikovaným výsledkům se mi zdá poněkud nešťastné. Mohla by se autorka pokusit vysvětlit důvody volby optimálního počtu klastrů pro tuto analýzu lépe? Jak vypadala analýza struktury populací při $K=9$ (tedy nejvyšším dosaženém $\log L_n$ v této analýze)?

Na závěr bych si znovu dovolil vyzdvihnout přínos této práce, kterým bezesporu jsou data zde nově získaná a analyzovaná. Autorka se s cíli své bakalářské práce vypořádala velmi dobře. Přes výše zmíněné výhrady k psané formě práce proto konstatuji, že předkládaná bakalářská práce Pavlíny Kočové splňuje požadavky kladené na bakalářské práce na Katedře parazitologie, Přírodovědecké fakulty Jihočeské univerzity v Českých Budějovicích a doporučuji ji k obhajobě. Práci navrhuji hodnotit v rozmezí výborně – velmi dobře, v závislosti na kvalitě obhajoby.

V Českých Budějovicích, dne 20. května 2015



RNDr. Jan Brabec, Ph.D.