

Posudek na bakalářskou práci Simony Školkové: “Améby skupiny Euamoebida (Amoebozoa, Tubulinea): Vývoj názorů na jejich taxonomii a fylogenezi”

Předložená práce je z velké části literárním přehledem doplněným o nástin experimentální práce. Není ovšem zcela zřejmé, zda-li bylo původním záměrem sepsat rešerši nebo naopak klasickou experimentální bakalářskou práci, která byla doplněna o obsáhlejší literární přehled. Podotýkám, že je vždy chvályhodné, když se student, který píše rešeršní bakalářskou práci, rozhodne a pokusí se zařadit do práce experiment nebo jako v tomto případě dílčí fylogenetickou analýzu.

V práci jsou definovány dva hlavní cíle a to: pokusit se objasnit taxonomii euamoeboidních améb a objasnit vývoj názorů na jejich fylogenezi. Práce v úvodních kapitolách obsahuje rozsáhlou víceméně morfologickou charakteristiku jednotlivých taxonomických jednotek, která je provedena kvalitně, pečlivě a poměrně přehledně. Autorka práce bezesporu prostudovala řadu literárních zdrojů (včetně recentních článků), ze kterých poskládala charakteristiku studované skupiny. Na druhou stranu úplně postrádám splnění druhého cíle a to objasnění názorů na fylogenezi euamoeboidních améb. O fylogenezi skupiny se dovídáme jen střípkovitě u popisu některých taxonů. Pokud by byla práce zamýšlena jako rešerše, měla by obsahovat nastínění problému, který se pomocí literárních zdrojů pokusí autorka řešit. Bohužel se nic takového v práci nenachází. Prakticky jde jen o výčet a charakteristiku jednotlivých skupin euamoeboidních améb, i když poměrně kvalitně sepsaný.

Vlastní experimentální práce je shrnuta v kapitole 6 s názvem “Metodika - vlastní fylogenetické analýzy” s dvěma podkapitoly: “Zpracování sekvenčních dat” a “Výsledky a diskuze”. Toto členění postrádá trochu logiku, kdy podkapitolou metodiky jsou výsledky a diskuze. Metodika zahrnuje tvorbu alignmentu z poskytnutých sekvencí SSU rDNA améb a sekvencí získaných z genové banky. Pro fylogenetickou analýzu byly zvoleny dvě metody (ML a BI) - absence maximální parsimonie není podle mého názoru zásadní problém. Postrádám ale údaj o počtu bootstrapových replikací u ML. Také údaj o případném outgroupu není uveden. K metodické části mám následující dotazy:

1. Jaká další metoda by mohla být použita při analýze sekvencí, které ve stromu vytvářejí dlouhé větve?
2. Proč byl pro ML použit model GTR+gamma+I a pro BI analýzu GTR model bez gamma a I parametrů? Kontrolovala jste, jestli délka řetězce u BI (jeden mil. generací) byla dostatečná? (Jak byste kontrolu provedla?) Podle čeho byla nastavena hodnota Burn-In?
3. Jsou fylogenetické stromy zakořeněny?

Tabulka 1 se soupisem vzorků nemá vhodně zvolené názvy třetího a čtvrtého sloupce: jako místo sběru bych nepovažoval např. žížalu nebo řadu uvedených ryb; stejně tak jako za lokalitu nelze považovat “import” a také není úplně přesné uvádět lokalitu např. Španělsko v případě izolátů z mořských ryb. Nebo uvádět Španělsko u akvariijní rybky *Danio rerio*, které není ve Španělsku původní, atd.

Občasné neobratné nebo nepřesné vyjadřování jako například: “V první fylogenetické analýze s dlouhými větvemi...” (stejně tak v popisku ke stromu) - fylogenetická analýza nemá dlouhé větve - dlouhé větve má fylogenetický strom jako výsledek fylogenetické analýzy. Nebo “byla pouze osekvenována jejich RNA ...” (str. 34, 4.

odstavce). Předpokládám, že byla sekvenována DNA a to pouze SSU rDNA, a ne celý transkriptom, jak vyplývá z tvrzení autorky.

Obrázku 25 (fylogenetický strom) by velmi pomohlo, kdyby zde byla vyznačena skupina flabellulidních améb, o kterých se ve výsledcích mluví v souvislosti s pozicí linie A. V této souvislosti se nabízí otázka, proč byly v datasetu analyzovány i nové sekvence flabellulidních améb tvořící linii A, když je práce zaměřená na řád Euamoebida. A když už tam byly zařazeny, proč nebyla provedena dodatečná analýza bez dlouhovětvné skupiny B, která může mít vliv na správnou pozici linie A. Na obr. 25 není pravděpodobně přesné ani označení skupiny Euamoebida, která zde zahrnuje i flabellulidní améby, které taxonomicky nepatří do řádu Euamoebida.

Rozsah spojené podkapitoly Výsledky a diskuze je žalostně malý (jeden a půl strany). Takto stručný oddíl by se dal akceptovat, kdyby se v rešeršní části objevila diskuze fylogenetických vztahů dané skupiny améb, jak je slibováno v názvu práce a jejich cílech.

Drobné chyby:

Citace v textu v nesprávném formátu s čárkou za autory - často není jasné, zda jde o citaci nebo o autory popisu druhu. Odhadem polovina odkazů na literaturu postrádá informaci o spoluautorech (a když je zkratka et. al uvedena tak ve třech variantách jako např. na str. 19: *et. al.* / *et al.* / *et al.*). Seznam literárních zdrojů je doslova napěchovaný chybami a nedoporučuji jeho čtení pro slabší nátury.

Nejednotné zarovnávání textu - např. str. 13 vs. 14 aj.

Nepoužívání zkratk (ML a BI) po jejich zavedení (str. 32).

U předložené práce bohužel musím konstatovat, že podle mého názoru nesplňuje kritéria kladené na dobrou literární rešerši a zároveň ani kritéria pro kvalitně odvedenou experimentální bakalářskou práci; a to zejména nesplněním cíle rozboru fylogenetických vztahů améb. Mé hodnocení na základě předložené práce je prozatím známkou "dobře" a doufám, že kvalitní obhajobou se pokusí autorka práce tuto navrženou známku vylepšit.

V Českých Budějovicích, 15. ledna 2016



RNDr. Ivan Fiala, PhD