

Oponentský posudek na bakalářskou práci Daniely Kotalové **Populační struktura chobotnice *Eledone moschata* ve Středozemním moři na základě RAD seq dat**

Předkládaná bakalářská práce si klade za cíl analyzovat populační strukturu chobotnice *Eledone moschata* z několika vzorků v Jaderském a Tyrrhénském moři na základě sekvenace mitochondriální COI a RADSeq dat. Metodicky jde bezpochyby o docela ambiciózní projekt, který by, za určitých podmínek, docela dobře vydal i na magisterskou práci. Členění je veskrze tradiční. Snad jen tradiční úvodní přehled je zde rozdělen na vlastní jednostránkový *Úvod* a desetistránkovou *Literární rešerši*, přičemž já osobně jsem mezi nimi nějaký vážnější rozdíl nenašel. Po obsahové stránce se obě kapitoly docela povedly a poskytují čtenáři základní vhled do problematiky. Autorka se sice nevyvarovala občasných neobratných spojení, jako např. “hloubka informací” (první věta kapitoly 2.1) nebo “nejkompletnější sekvenace” (kousek dále v textu). Naštěstí jejich frekvence není nijak vysoká a vlastně odpovídá bakalářskému stupni studia. Občas se textem mihne i anglický tvar slova, pro které existuje český ekvivalent, jako např. reads (čtení, sekvenace), barcodes (barkód, čárový kód, kód)... ale opět to není příliš často, takže nad tím lze přimhouřit oko.

Poměrně hodně pozornosti je také věnováno představení metod využití genomických dat pro populační genetiku/nomiku. Je pochopitelné, že autorka nemůže všechny uvedené postupy znát do hloubky a nejlépe z vlastní praxe. Způsob, jakým jsou uvedeny, mi ale nepřijde příliš šťastný, rozdíly mezi jednotlivými metodami nejsou z textu příliš patrné. Celá pasáž by šla určitě formulovat jednoznačněji a srozumitelněji. Také v kapitole věnované biologii chobotnice *Eledone moschata* je zbytečně podrobně vyjmenována typická kořist, a to výhradně latinskými názvy. Přiznám se, že na mě to působilo až komicky, ve stylu legendární zprávy o počasí v Cimrmanově *Poslu z Liptákova*.

K obsahu kapitol *Metody* a *Výsledky* mám toho trochu víc. Například do mapy s polohou lokalit (Obr. 3, str. 13), ze které pochází vzorky, by šly určitě uvést i jejich názvy. V následující tabulce (Tab. 1, str. 14) jsou sice uvedeny názvy i jejich GPS souřadnice, ovšem přehlednější by určitě bylo mít názvy i na mapce. Tabulka III, kde jsou uvedeny detaily PCR, by byla přehlednější vertikálně, nehledě k tomu, že hlavička zabírá (docela zbytečně) 75% celé tabulky. Tabulka VI, ve které autorka uvádí jednotlivé kódy pro multiplex amplikonů, mi taky přijde v kontextu práce zcela zbytečná. S povděkem kvituji, že autorka uvedla podrobnosti nastavení parametrů skriptů pro analýzy RAD-seq dat. Snad jen informace o cestě k některým souborům je tam navíc a mohla by případné následovníky paradoxně z jejich cesty spíše svést. Šťastný mi nepřijde ani způsob označení struktury ad-hoc nastavení populační struktury pro úroveň ‘sea’/‘area’/‘locality’. Místo logického a mnohem srozumitelnější označení dle skutečnosti, např. Jaderské-Tyrrhénské/Sardinie, Sicílie atd., respektive vhodných zkratk. Používá autorka abstraktního označení POP1-6. To docela snižuje srozumitelnost výsledků a nutí čtenáře neustále odbíhat od obrázků/tabulek do textu. To samé platí i pro samotné vzorky. Výhrady mám i ke grafickému zpracování fylogenetického stromu (Obr. 4) a populační struktury *E. moschata* (Obr. 7). Zejména ve druhém případě jsou

popisky naprosto nečitelné a čtenář je při jeho analýze do velké míry odkázán pouze na svou fantazii. Po faktické stránce jsou ale jinak výsledky v zásadě srozumitelné.

Abych pouze nekritizoval, *Diskuze* je logicky vystavěna. Autorka v ní dobře pracuje s dostupnou literaturou a pokouší se pozorované výsledky vysvětlit v jejím kontextu, nebojí se místy i "zaspekulovat" a navrhnout další vhodné kroky k smysluplnému rozšíření projektu. Dovedl bych si ji sice představit o několik bodů bohatší, ale aspoň mi zbylo pár bodů pro diskuzi při obhajobě (viz níže).

Nyní bych prosil autorku o odpovědi na následující otázky:

1. Pro nejnižší úroveň rozlišení populační struktury – lokality, měla autorka většinou k dispozici pouze dva jedince na lokalitu. Je to dostačující počet, aby byly získané výsledky statisticky významné?
2. Haplotypová síť ukazuje, že u genu COI jsou populace v Jaderském a Tyrhénském moři odděleny třemi substitucemi. Stejný rozdíl je ale i mezi jedinci v rámci chorvatské lokality Pula. Co to vypovídá o populacích *E. moschata*?
3. Jsou známy případy hybridizace mezi *E. moschata* a *E. cirrhosa*, případně brala autorka v potaz poměrně často pozorovaný jev přeskočení mitochondriálního haplotypu mezi blízkými příbuznými druhy? Jak by případně řešila možný konflikt mezi fylogenezí konkrétního genu a fylogenezí daných druhů?
4. Velká část výsledků je postavena na statistice populační diferenciace Φ_{ST} . Jak moc smysluplné je její použití, když její některé vnitrodruhové hodnoty pro *E. moschata* převyšují hodnoty mezidruhové (Tab. X)? Může tento problém souviset s mou předchozí otázkou?

Jak jsem psal už na začátku, téma práce mi na daný stupeň přijde docela ambiciózní a náročné. Autorka se s ním popasovala dobře. Kvalitu trochu sráží forma prezentace výsledků a opomenutí některých důležitých témat v *Diskuzi*, ale v zásadě jsem spokojený. Rozhodně je hodna udělení bakalářského titulu, s navržením výsledné známky ale počkám až po shlednutí prezentace.

V Českých Budějovicích 17. 5. 2019

Aleš Horák

