

Oponentský posudek na bakalářskou práci

Marie Hlavničková: Fylogenetické vztahy druhů čeledi Ceratomyxidae (Myxozoa)

Předmětem předložené bakalářské práce je standardní fylogenetická analýza v rámci zajímavé a v současné době „módní“ skupiny parazitů. Po formální stránce je text a obrazový doprovod zpracován kvalitně a působí příjemným dojmem. Stejně tak je z obsahu práce znát, že se autorka o problematiku zajímala i z širšího pohledu, nejen z hlediska vlastního rodu *Ceratomyxa*. Vlastní experimentální práce je dobře vymezenou a kvalitně provedenou studií, která svými metodickými nároky zcela vyhovuje požadavkům bakalářské práce.

Za nejproblematictější aspekt práce považuji její koncepční uspořádání, které je poměrně nepřehledné a čtenáře příliš nevede ke konkrétním cílům práce. Úvod poskytuje sice řadu informací o skupině Myxozoa, ve větších detailech pak o rodech, na které je práce zacílená, nijak však nesměřuje k jasné formulovaným otázkám, z nichž by vyplynuly cíle práce. Tento dojem je umocněn faktem, že vlastní cíle jsou formulovány poměrně nejasně, až záhadně. Hned první z nich zní jako logický rébus: „Pokusit se druhově determinovat vybrané druhy čeledi Ceratomyxidae“. O jaké druhy jde? Proč jsou „vybrané“? A jak se vybírají druhy, které je teprve zapotřebí druhově determinovat? (Předpokládal bych, že cíle vyplynou logicky již z úvodu, jako důsledek konkrétně formulovaných problémů a nejasností).

V orientaci nepomůže příliš ani následující kapitola Metodika. Ta začíná odstavcem PCR a pokračuje klasickým popisem laboratorní a počítačové části fylogenetické studie. Jaké organismy, a jak, byly získány se však v celé kapitole nedozvíme. Teprve v následující kapitole Materiál jsou uvedeny jednotlivé organismy, o které vlastně v celé práci jde, a to jen ve formě fotografií doplněných stručnými informacemi (druhové určení, lokalita, hostitel). Opět není jasné, proč byly vybrány právě tyto vzorky: S hějakým konkrétním záměrem? Náhodou, protože byly k dispozici?

Vlastní laboratorní práce je provedena standardně, se znalostí věci. Samozřejmě by bylo možné vést diskusi o vhodnosti zvolených parametrů jednotlivých analýz, ale to je téma ve fylogenetice věčné, nevyčerpatelné a značně subjektivní: povaha výsledků ukazuje, že metodické artefakty zřejmě v těchto datech nehrají žádnou podstatnou roli. Neodpustím se jen dva čistě metodické detaily:

- Kde přišla autorka k formulaci „test pravděpodobného podílu“? Nejde ani tak o to, že je špatně, ale jeho smysl neodpovídá podstatě metody. To vzbuzuje podezření, že autorka neví, co vlastně LRT dělá. Nebo ví?
- Proč byla distanční analýza provedena metodou LogDet? Ta bývá používána spíše za specifických podmínek, nikoliv jako standardní postup.

Diskuse shrnuje celkem logicky důsledky zjištěných fylogenetických vztahů pro taxonomické a evoluční úvahy v rámci studované skupiny. Opět by však bylo možné ji postavit o něco srozumitelněji. Kupříkladu kdyby jednotlivé nově osekvenované druhy byly diskutovány pod jejich druhovými jmény, nikoliv stále pod čísly vzorků.

- Jestliže se v diskusi píše, že vzorek 297 se nepodařilo druhově určit (str. 28), proč ve fylogenetických stromech vystupuje pod jménem *C. informis*?

Práce splňuje požadavky na tento typ experimentální bakalářské práce na PřF JU a doporučuji ji k obhajobě. Návrhuji hodnocení v rozmezí výborně a velmi dobře, v závislosti na kvalitě obhajoby.

V Českých Budějovicích, 25.5.2010


Václav Hypša