



BIOLOGICKÉ CENTRUM AV ČR, v. v. i.

Entomologický ústav

adresa: Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice
telefon: +420 387 775 211
fax: +420 385 310 354

IC: 60077344 | DIČ: CZ60077344
číslo účtu: 6063942/0800, Česká spořitelna, a.s.
www.entu.cas.cz | e-mail: entu@entu.cas.cz

Posudek bakalářské práce Nikoly Jachníkové na téma „Porovnání populační struktury hostitele a parazita na systému Sépie obecná – Dicyemida“

Tématem předložené bakalářské práce je srovnání populačních parametrů sépie a jejích parazitů ze skupiny Dicyemida pomocí molekulárních metod. Materiál pochází jednak z vlastních zdrojů z mediteránu východního středního i západního (který však je na pobřeží Atlantiku) a je doplněn z veřejně přístupných zdrojů (z GenBanku, ale to se člověk dozví jen podle tabulky č. 9, nikoli metodiky). Jako marker byla použita část mitochondriálního genu Cytochrome oxidase subunit I u hostitelů i parazitů a dále ribozomální gen 18S u pouze u parazitů. Laboratorní metody (izolace DNA i PCR), stejně jako následné zpracování sekvencí je prováděno běžnými postupy, data jsou následně zpracována jednak fylogenetickou metodou (maximum likelihood), dále haplotypovými sítěmi a obě skupiny jsou srovnány pomocí klasických populačně genetických parametrů. Výsledkem práce je, že hostitel (sépie) má větší genetickou variabilitu, dalším výsledkem pak jsou různé geografické patterny mezi různými částmi areálu ale i podobná struktura změn velikosti populace mezi hostitelem i parazity.

Z předložené práce je zřejmé, že studentka dobře zvládla laboratorní i analytické práce, ale samotný text diplomky působí nedodělaně. Ztrácel jsem se v organizaci tabulek (přehledová tabulka by jistě měla být mnohem dříve než jako předposlední), nevěděl jsem, kolik vzorků z které oblasti vlastně bylo sehnáno, jaká byla prevalence a jen nepřímo se autorka v textu zmiňuje o různé úspěšnosti amplifikace markerů z různých oblastí. O přehlednosti fylogenetických stromů raději pomlčím a pominu i ne zcela zdařilou grafickou úpravu a přesnost formulací v textu. Moc nerozumím, proč byly vybrány některé použité metody (např. raggedness test) a nikoli například klasické srovnání genetické a prostorové variability, ale doufám, že to nám bude vysvětleno při obhajobě. Jsem si jistý, že získaná data potřebují ještě více vytěžit, ale také myslím, že až bude připravován rukopis pro publikaci, tak tyto nedostatky budou napraveny. Práci jednoznačně doporučuji k obhajobě, navrhuji klasifikaci „velmi dobře“.

Na Dobré Vodě u Českých Budějovic, 16. května 2018

RNDr. Zdeněk Faltýnek Fric, Ph.D.