

Průběh obhajoby bakalářské práce:

Barcoding českých denních motýlů

Student v úvodu prezentace své práce uvedl příčiny úbytku druhů motýlů, tedy důvody zpracování řešeného tématu závěrečné práce a její cíle. Následovalo vysvětlění pojmů a popis metodiky. Dále výčet získaných dat a hodnot, představení jednotlivých analýz a postupů jejich užití, včetně uvedení dosažených výsledků. Závěrem uvedeny prokázané příbuznosti našich druhů s druhy zahraničními.

Vedoucí práce RNDr. Alena Sucháčková přečetla nejprve svůj posudek, včetně dotazu. Student plně zodpověděl uvedenou otázku ke spokojenosti vedoucí. Dále paní vedoucí přečetla posudek oponenta s upozorněním na místy neobratné formulace a formální menší chyby práce. Celkově je práce oponentem vnímána jako přínosná. Otázka oponenta práce byla plně zodpovězena.

Doc. Berec: Jak se vybírá správný úsek pro sekvenci, jak je možné, že druhy příslušily do dvou entit - otázka zodpovězena v plném rozsahu. Důvody nemožnosti vyhodnocení velkého počtu vzorku - odpověď: možná kontaminace či mutace. Je možná konvergence u DNA - odpověď: je možná mutace, záměna párové vazby.

Student v diskuzi podrobně popsal typy vzorků (části těl motýlů), jež měl k dispozici pro zpracování.

Pokud jsou vzorky špatně určeny - popis a při genetickém zpracování vyjdou stejně, podle čeho se určí předmětný druh - odpověď: podle DNA databáze (knihovny).

Podle čeho byly vybírány země původu vzorku - dle zemí, které již mají DNA knihovnu druhů motýlů.

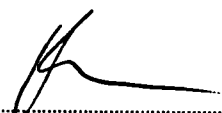
Diskuze ke složitosti odběru vzorků - zdroje jsou např. sbírky muzeí.

Co považuje student za nejs Zajímavější zjištění ve své práci - odpověď: určení druhů na základě DNA při značné morfologické podobnosti

Body:

Klasifikace: výborně

Datum obhajoby: 14. září 2020


.....
předseda zkušební komise