



BIOLOGY CENTRE CAS

Institute of Entomology

address: Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic

IBAN: CZ39 0300 0000 0006 0077 3445 | SWIFT CODE: CEKOCZPP | VAT No.: CZ60077344

phone: +420 387 775 211 | www.entu.cas.cz | e-mail: entu@entu.cas.cz

Posudek školitele

na bakalářskou diplomovou práci **Šárky Hajšmanové**

Genetická variabilita populací pošvatky *Diura bicaudata* (Plecoptera) z horských oblastí

Téma bakalářské práce Šárky Hajšmanové vychází ze spolupráce týmu populační a evoluční genetiky laboratoře EPN na EntÚ BC AVČR, VÚVH a CHKO Beskydy. Uvedená chráněná oblast je největší chráněnou krajinnou oblastí v Česku, a v posledních letech se narůstající počet návštěvníků začíná negativně projevovat na jejím ekosystému. Podstatou širšího projektu je proto zhodnotit aktuální stav biodiverzity horských a podhorských vodních biotopů na příkladu vybraných skupin živočichů. V případě nalezení konfliktů bodů ve vztahu k antropogenním aktivitám pak výsledky zapracovat do managementu krajiny v zájmu zachování přirozeného prostředí.

Konkrétním úkolem pro Šárku bylo zmapování genetické variability vybraného zástupce vodního hmyzu v zájmové oblasti Moravskoslezské Beskydy. Jako modelový organismus byla vybrána pošvatka *Diura bicaudata*, která jednak slouží jako bioindikátor kvality čistoty vod, jednak je i zajímavým organismem z hlediska sledování migrace. Schopnost šíření organismů je totiž důležitým předpokladem pro osídlování nových biotopů nebo rekolonizaci biotopů obnovených. Vzhledem k uvedeným vlastnostem se studium pošvatek z hlediska jejich populační genetiky a taxonomie pomocí molekulárních markerů slibně rozvíjí. Nejpoužívanějším lokusem pro tyto studie je fragment *COI* (standardní pro „DNA barcoding“), který umožňuje v tomto hmyzím řádu nejen druhovou identifikaci, ale i poznání fylogeografických vzorců.

Šárka tedy v úvodní fázi začala pracovat s tímto standardním markerem, ovšem pro populační genetiku bylo nutné přidat i markery další. Na základě literatury tak byla vybrána řada dalších lokusů jak z mitochondriálního, tak i jaderného genomu. Jejich testování (PCR amplifikace a sekvenování) vedlo ke zúžení na několik kandidátních lokusů; předběžná analýza jejich variability nakonec vedla k výběru fragmentu *16S*, který byl stejně jako *COI* sekvenován z celého souboru vzorků.

Šárka v průběhu svého projektu pracovala velmi usilovně, takže rychle zvládla nejen práci s literaturou, ale i všechny potřebné experimentální metody (DNA izolace, PCR amplifikace, klonování, sekvenování, bioinformatická a biostatistická analýza dat). Předběžné výsledky byly prezentovány formou posteru na mezinárodní konferenci a ve finále Šárka získala dostatečné množství originálních dat, která jsou cenným vodítkem pro další práci. Podařilo se jí prokázat, že u

vybraného modelu jde o jeden druh, jehož migrační schopnost je dostačující pro zachování genetické variability druhu i v případě narušení jejich biotopů.

Šárka prokázala, že dokáže pracovat pečlivě a samostatně, a je nepochybné, že po dopracování detailů bude možno její studii publikovat. Předložená studie splňuje všechny požadavky kladené na bakalářské práce, a proto ji k obhajobě **d o p o r u č u j i**.

V Českých Budějovicích 16.května 2023

PaedDr. Martina Žurovcová, PhD