

Posudek na bakalářskou práci

- školitelský posudek
 oponentský posudek

Jméno posuzovatele: Ondřej Korábek

Datum:
20. 6. 2020

Autor: Nikola Korytová

Název práce: Genetická hranice druhů u perlooček (Crustacea, Cladocera)

- Práce je literární rešerší ve smyslu zveřejněných požadavků (pravidel).
 Práce obsahuje navíc i vlastní výsledky.

Cíle práce (předmět rešerše, pracovní hypotéza...)

Cílem této práce bylo zjistit, jaké genetické markery se nejvíce využívají pro identifikaci příbuzenských vztahů mezi perloočkami, konkrétně u čeledí Daphniidae a Chydoridae, a popsat genetickou variabilitu v těchto čeledích. Dále bylo cílem určit, jaké genetické vzdálenosti se objevují mezi druhy a v rámci druhů, a zda lze tyto rozdíly u vybraných genů zobecnit, ať už v rámci druhů nebo mezi jinými taxonomickými úrovněmi. Na základě zjištěných údajů se autorka také měla pokusit navrhnout další možnosti, jak tuto problematiku řešit v budoucnu.

Struktura (členění) práce:

Struktura odpovídá předepsanému členění a je celkem adekvátní tématu práce. Nerozumím ale, proč je zahrnut krátký odstavec o morfologii a anatomii – dovedl bych si představit, že se v něm mohlo psát, proč jsou morfologické znaky u perlooček k rozeznávání druhů nedostatečné, ale dovíme se zde jen pár nerelevantních obecností.

"Rozmnožování a disperze" určitě neměla být podkapitola anatomie, ale to je asi jen chyba číslování. Spíš je škoda, že se na tuto část pak nenavazuje dále v textu. Místy by se docela sneslo přeházet pořadí sdělení, např. zde měla být poslední věta zařazena před "zároveň je jasné...": "V současné době se nejvíce využívá sekvence podjednotky I cytochrom c oxidázy, která je součástí mitochondriálního genomu, a proto je velmi vhodná pro zkoumání genetické variability na úrovni druhů. Zároveň je ale jasné, že pro širší využití a správnost identifikace druhů musíme využívat více markerů zároveň. Pokud totiž analyzujeme pouze jednu sekvenci, výsledné fylogenetické stromy se mohou lišit v závislosti na tom, jestli pocházejí z jaderné či mitochondriální DNA. Další z využívaných mitochondriálních genetických markerů je gen 12S rDNA nebo 16S rDNA."

Jsou použité literární zdroje dostatečné a jsou v práci správně citovány?

Použil(a) autor(ka) v rešerši relevantní údaje z literárních zdrojů?

Použité zdroje jsou dostatečné pro rozsah, v jakém byl problém rozpracován, a jsou většinou správně citovány.

Pokud práce obsahuje (nadstandardně) i vlastní výsledky, jsou tyto výsledky adekvátním způsobem získány, zhodnoceny a diskutovány?

Formální úroveň práce (obrazová dokumentace, grafika, text, jazyková úroveň):
Formální úroveň je dobrá. Vyskytují se jen jednotlivé drobnosti, práce neobsahuje větší množství překlepů nebo pravopisných chyb. Určité nedostatky jsou místy v interpunkci.

Splnění cílů práce a celkové hodnocení:

Práce uvázla kousek před naplněním všech svých cílů. Autorka dobře vyhledala, jaké markery se používaly pro studium druhové diverzity a v jakých hodnotách se pohybují u zkoumaných skupin perlooček vnitro- a mezidruhové genetické vzdálenosti. Jde ale často spíše o výpisky než o text, který poskytuje náhled do problematiky, protože k uvedeným informacím chybí jejich zasazení do kontextu a hlubší rozbor. Výsledky rešerše jsou diskutovány povrchně a diskuse mě nepřesvědčuje o tom, že autorka získala přehled o problému v takovém rozsahu, aby jí umožňoval získané informace dobře vyhodnotit a upotřebit (viz další bod). To se projevuje i na úvodu a závěru, které hodnotím jako příliš povrchní. Úvod nevysvětluje dost jasně motivaci práce (t.j. proč se tím zabývat), závěr je místy docela banální.

Práce ale i tak splňuje požadavky kladené na bakalářské práce a navrhuji ji k obhajobě.

Otázky a připomínky oponenta:

Vidím tři hlavní body, které mi v práci schází:

1) ke studiu druhové diverzity lze použít různé typy markerů. Genetické distance se dají počítat z lečjakých dat (kdysi se používaly i třeba alozymy, dneska může jít o SNPs), ne jen sekvencí. Zejména v dnešní době prostě nelze nezmínit metody, které produkují tisíce markerů napříč genomem, už jen pro to, že pro hledání hranic mezi druhy jsou lepší než tradiční kombinace několika málo lokusů.

2) postrádám detailnější rozbor toho, jak se od sebe jednotlivé uvedené markery liší svou evolucí, o čem vypovídají a jaké praktické a interpretační problémy jsou s jednotlivými druhy markerů (mitochondriální protein kódující geny a geny pro rRNA, jaderné lokusy) spojené. To se projevuje i v abstraktu, kde nejdřív čteme, poněkud kostrbatě, že "Pro rozpoznávání druhů se využívají morfologické i genetické analýzy. Jelikož ale u nich dochází k hybridizaci, je v některých případech lepší studovat jejich genetické vzdálenosti." A o dvě věty dále: "Využívají se i jaderné geny, nicméně na úrovni druhů poskytují lepší výsledky geny mitochondriální.", což je sice pravda, ale jen pokud tam nedochází právě k hybridizaci.

3) nejpodstatnější výtku směřuje k tomu, že není věnována dostatečná pozornost tomu, jaké faktory ovlivňují pozorované maximální hodnoty vnitrodruhových genetických vzdáleností. Jinými slovy, co všechno může být za tím, když jsou vysoké (a že těch možností je celá řada). To je přece zásadní pro interpretaci genetických vzdáleností vzhledem k druhovým hranicím. Autorka přišla na dva faktory, geografickou vzdálenost a dobu uplynulou od společného předka. To nezahrnuje ani jeden docela zjevný možný problém při rozlišování druhů, ani limity provedených studií, ani zcela zásadní roli geografie a populační genetiky. Další otázka je, jaké genetické vzdálenosti byly v jednotlivých citovaných člancích používány – obyčejné p-distance, nebo nějak korigované na saturaci podle substitučního modelu (jakého?). Z hlediska výsledku je to spíš technikalie, ale mělo by se to objevit. S tím totiž souvisí i otázka saturace, protože genetická vzdálenost ve smyslu podílu lišících se bází v sekvenci neroste do nekonečna s časem uplynulým od oddělení druhů. Zvláště u mitochondriálních protein-kódujících genů se křivka vzdálenosti proti času hodně zplošťuje. Hodnoty vzdáleností nad 20 %, které se v textu objevují, už mohou znamenat dost různé časy od společného předka. Vedle toho jsou v textu místy formulačně nepovedené věty, které nedávají biologicky smysl:

" Na úrovni rodů a druhových komplexů docházelo k diverzifikaci přibližně před 180 miliony lety, ..."

" Sekvence markerů mohou být u různých druhů různě dlouhé, jelikož míra molekulární evoluce se mezi různými úseky genomu a napříč taxony liší (Hebert et al., 2003; Kabir et al., 2018).“ Dovedu si představit, co se tím míní, ale tak, jak je to napsané, by ta evoluce musela být hlavně o inzercích a delecích, což by pro marker nebylo nejšťastnější.

"nejstarší linií podrodu Hyalodaphnia je Daphnia curvirostris, která se diverzifikovala před více než 64 miliony lety" – míní se, že se tehdy oddělila linie vedoucí k ní od ostatních? Není totiž uvedena citace pro toto tvrzení. A je to fakt dávno...

"Jedná se o podrod, který je velmi pravděpodobně odvozen od ostatních dvou podrodů-Daphnia a Hyalodaphnia" – je tedy polyfyletický a ony parafyletické?

Otázky pro obhajující:

Co určuje délku sekvence markeru?

Celá úvaha od genetických distancí mezi a uvnitř druhů a jejich použití k systematice tak nějak směřuje k něčemu, čemu se při barkódování říká "barcoding gap". Co to je (a kde se to bere)?

Jaké faktory ovlivňují pozorované maximální hodnoty vnitrodruhových genetických vzdáleností?

Návrh hodnocení školitele nebo oponenta

výborně velmi dobře dobře nevyhověl(a)

Podpis školitele/opponenta:

Instrukce pro vyplnění:

- Prosíme oponenty i školitele o co nejstručnější a nejvýstižnější komentáře k jednotlivým bodům (dodržujte zhruba rozsah), tučně vyznačené rubriky jsou povinnou součástí posudku.
- Při posuzování je nutno zohlednit požadavky stanovené pro vypracování bakalářských prací – viz <https://www.natur.cuni.cz/biologie/studium/2018-pravidla.pdf>
- Posudek se odevzdává (zasílá) v elektronické podobě na e-mail: kubicka@natur.cuni.cz (pro účely zveřejnění na internetu), a dále podepsaný v 1 výtisku (jako součást protokolu o obhajobě) na adresu Lukáš Kubička, katedra ekologie PŘF UK, Viničná 7, 128 43 Praha 2.