

## Oponentský posudek na diplomovou práci

### **Filip Holíč: *Cardamine dentata*, její rozšíření ve střední Evropě a vztah k *C. pratensis***

Předložená diplomová práce se zabývá rozšířením řeřišnice bahenní, karyologickou variabilitou a analýzou mikrosatelitových markerů. Práce je přehledně členěna do kapitol a podkapitol, jednotlivé části na sebe logicky navazují. Z formálního hlediska oceňuji klasické členění práce, nikoliv členění metodika-výsledky-diskuze pro každou použitou metodu, které je běžné v mnoha současných diplomových pracích. Prezentační prostředky jsou průměrné kvality – body na mapách jsou malé, popisky nejsou přesné a samovysvětlující. Tabulky jsou mnohdy nadbytečné (např. seznam navštívených lokalit kde rostlina neroste či primární data). Práce je psaná ne zcela čtivým jazykem, s množstvím stylistických i gramatických chyb. Nicméně autorovi se podařilo získat dostatečné množství materiálu, který s pomocí kolegů zanalyzoval a výsledky částečně interpretoval.

V úvodní stati se autor věnuje stručnému představení studovaného taxonu s odbočkami k taxonomii, variabilitě chromosomových počtů a rozšíření studovaného taxonu. Tuto část považuji za ne zcela vyčerpávající, o rodu *Cardamine* existuje nespočet publikací, které nebyly ani zmíněny, natož dále diskutovány (celkový počet citací je na diplomovou práci velice nízký – 40 citací).

Metodická část je značně nevyvážená – některé části jsou relativně dobře zpracované (např. mikrosatelity), některé jsou vyloženě odfláknuté (např. průtoková cytometrie). Ze zbylých mám pocit, že se autor snažil nahnat stránky např. seznamy navštívených lokalit, na kterých se *C. dentata* nevyskytuje (proč nejsou v přílohách?). V metodické části by také měly být prezentovány celkové počty analyzovaných populací a jedinců – tyto se v předkládané práci značně liší.

Valnou část výsledků zabírají seznamy a mapy revidovaných položek (opět bych vše přesunul do příloh). Ve výsledcích průtokové cytometrie jsou opět prezentovány pouze primární data se kterými nebylo dále manipulováno (např. nějaké statistické zpracování, boxploty atd...). Definice jednotlivých sledovaných hodnot je navíc nesprávná – relativní velikost genomu přeci představuje poměr fluorescence standardu ku vzorku a není vyjadřována v pikogramech. Při výpočtu velikostí genomu došlo k zásadní chybě při přepočtu na pikogramy (z důvodu použití AT specifického barviva DAPI a dvou různých standardů). Výsledky analýzy mikrosatelitů jsou opět vyhodnoceny rozporuplně – PCoA je vyhodnocena relativně korektně, avšak neighbour joining, AMOVA a STRUCTURE jsou prezentovány povrchně a bez většího vzhledu do problematiky. Ačkoliv je stručnost při psaní vědecké práce ceněná, kde jinde má student možnost dopodrobna popsat to co vybádal na objektu svého zájmu než v diplomové práci?

Největším zklamáním celé práce je však diskuze. S klasickou diskuzí nemá nic společného. Nejsou diskutována získaná data v kontextu jiných prací ani v kontextu ostatních použitých metod. Odbýt pěti řádky cytometrické výsledky ve chvíli, kdy se v studovaném taxonu vyskytují dvě ploidní úrovně a mnoho aneuploidů mi přijde kacířské. Existuje nespočet karyologicky zaměřených článků zabývajících se rodem *Cardamine*, které vůbec nebyly v diskuzi zmíněny. Obdobně bych mohl pokračovat s diskuzí nad výsledky mikrosatelitů.

Závěrem je nutno podotknout, že autor dostal dvěma ze čtyřech vytyčených cílů – Upřesnil stav rozšíření taxonu na základě revize herbářů a „přiblížil“ chromozomové počty a ploidie vyskytující se v ČR. Zbylé dva cíle zůstaly téměř netknuty.

**I přes veškeré připomínky popsané výše a rozvedené níže doporučuji práci k obhajobě na Katedře Botaniky PřF UK. Práci hodnotím stupněm 3-4, přičemž o výsledné známce rozhodne prezentace autora na obhajobě.**

V Průhonicích, 5. 9. 2017

Petr Vít

**Otázky oponenta:**

- 1) Jaký smysl mělo rozdělování historických herbářových sběrů *C. dentata* do časových úseků? Sledoval tím autor nějakou myšlenku?
- 2) V analýze velikosti genomu vychází naprosto odlišné hodnoty velikosti genomu v pg u vzorků měřených s interním standardem *Bellis* a *Solanum*. Co je příčinou těchto rozdílů? U dekaploidů vychází  $2C=3,6\text{pg}$  s *Bellis* a  $2C=2,9\text{pg}$  se *Solanum*. Je vůbec výpočet velikosti genomu správný? Jakým způsobem by šlo takto získané výsledky porovnat?
- 3) Jakým způsobem byl designován výpočet AMOVy a co z výsledků vyplývá? Ve výsledcích je pouze chabě komentovaná tabulka a v diskuzi není vůbec diskutováno.
- 4) Co znamená v analýze STRUCTURE sdílená frakce modré a žluté barvy? Jak se dají tyto jedinci hodnotit s ohledem na taxonomii skupiny?
- 5) Jakým způsobem by autor mohl hodnotit stupeň ohrožení druhu *C. dentata* s využitím moderních statistických postupů: Jaký by zvolil design studie a které parametry by sledoval?
- 6) Jaké jsou taxonomické závěry práce? Jaký je navrhovaný další postup a metody, které by mohly být použity k uspokojivému vyřešení původu dekaploidního taxonu *C. dentata*?