

Ivana Hynková 2007

*Sequence variation in mitochondrial Cytochrome b gene in Boa constrictor across its range with phylogeographical and ecological implications*

**Posudek oponenta**

Práce Ivany Hynkové se zabývá nesporně zajímavým a záslužným tématem – fylogeografie charismatických druhů obratlovců má významné implikace taxonomické, a tedy i edukační a ochranářské. I když je analýza předkládaná v této práci založená na jediné sekvenci, jde o imponující kus provedené práce, který jistě nebude obtížné publikovat. K technice laboratorní a vlastně ani fylogenetické práce nemám zásadních námitek (že metoda NJ je z principu nesmyslná, je jiná otázka), formalitami si dovoluji se nezabývat (i když za zmínku stojí poněkud zmatená struktura Úvodu), proto se budu věnovat pouze několika podstatným problémům této diplomové práce.

1. Detaily metodiky jsou popsány tak nedostatečně, že je někdy obtížné pochopit, oč vlastně šlo. Některé sekvence (devět z 124) nebyly analyzovány, ale nikde není uveden důvod, čím se provinily. Chápu-li dobře text na str. 31, byly vyloučeny sekvence redundantní, tj. identické se zvolenými „haplotypy“, ale těch je zase dle str. 76-8 víc než devět. Byly analyzovány dvě matice, trochu komicky nazvané „Boa-with-Candoia“ a „Boa-no-Candoia“, ale není jasné proč, navíc jsou pak oba soubory analyzovány nastřídačku (např. str. 34 nahoře). Podobně důvod, proč byly z analýzy vyloučeny třetí pozice kodonů není zcela srozumitelný (ze zvyku?). To všechno může být dobře, ale postrádám zveřejnění nějakých testů, které tyto akce ospravedlnily (anebo nebyly vůbec provedeny?).

2. Protože základní důsledky této práce jsou biogeografické, postrádám jakoukoli explicitní biogeografickou metodologii. Autorka zjevně užívá intuitivní mapování areálů rozšíření na fylogenetické stromy, což je – pokud jde o rekonstrukci ancestrálních areálů, a tedy i o určení směru evoluce – metoda bezmála nejhorší možná. Přejít z areálu A do areálu B na nějaké větvi stromu vypadá jako jedna evoluční změna, ale *není* (to by se museli všichni příslušníci druhu společně přestěhovat), je to několik evolučních změn zároveň, jenže stejně dobrých řešení pak může být několik. Příležitostně vysvětlím.

3. Část taxonomických závěrů není ničím podložena – autorka se např. vyjadřuje k validnosti i těch poddruhů, které nezkoumala. Povýšení argentinského taxonu *B. c. occidentalis* na druh mi připadá předčasné – je založeno na jediné analyzované sekvenci, jejíž izolovanost v některých stromech není nijak zásadní.

4. Je třeba ocenit odvalu autorky vyprodukovat anglický text, ale nebyl to nápad z nešťastnějších (což je koneckonců průvodní jev veškeré odvahy, že nebývá v souladu se zdravým rozumem). Z textu zřetelně plyne, že autorka myslí česky, doslovný překlad jejího textu do češtiny bývá spolehlivým způsobem, jak porozumět zvláště nejasným pasážím (namátkou na str. 8: „... unique amount of samples as there is no evidence that such a study would be ever done on these species“), a ty partie textu, kde čtenář neví předem, o čem to bude (tedy ty zajímavé), jsou často skoro nerosrozumitelné. O nemalém počtu skutečných drobných chyb (jako jsou slovesa a zájmena v plurálu a singuláru, opakované „basicly“, „generas“) ani nemluvě. Vznik skutečného anglicky psaného rukopisu vědeckého článku je ještě daleko.

Obecně platí, že nedostatkem této práce je – jako skoro u všech diplomek – nedostatečná diskuse výsledků (zřejmě způsobená nejen nedostatkem času, ale tak trochu i chronickým studentským nepochopením toho, co vlastně v kapitole *Diskuse* má být), v tomto specifickém případě navíc doplněná nedostatečným zvládnutím zvoleného komunikačního kanálu. Jde nicméně o práci nesporně kvalitní a bez problémů přijatelnou k obhajobě.