

Oponentský posudek diplomové práce Bc. Evy Kupčikové

Předložená diplomová práce představuje ambiciózní výzkumný projekt zaměřený zejména na genetickou a morfológickou diverzitu krásivkového druhového komplexu *Euastrum humerosum/didelta*. Kvantita a kvalita sběru dat je pro výzkumný projekt na úrovni magisterského studenta jistě adekvátní. Otázkou však je, zda je adekvátní i pro zodpovězení otázek týkajících se geografického rozšíření, o které se studentka v závěru práce pokouší. Metodický postup je dle mého názoru vhodný, byť na diplomovou práci dosti komplexní. Velmi užitečné by proto pro čtenáře bylo zahrnutí schématu zobrazujícího celkový design výzkumu. Práce přináší poměrně velké množství vědecky cenných primárních dat a i z výsledků lze kritickým okem vyčíst o studovaném komplexu mnoho zajímavého. Jejich interpretace ze strany autorky je však bohužel mnohdy neadekvátní, či vyloženě chybná. Na několika místech je kupříkladu zjevné, že se autorka neorientuje a v důsledku toho chybně interpretuje dokonce i (nikoliv však pouze) fylogenetické stromy (viz Poznámku). Vyloženě problematickou sekcí je pak Diskuze. Podstatná část jejího obsahu už je, nebo by měla být v sekci Výsledky a to, co z ní lze skutečně označit za diskuzi, je často spekulativního charakteru bez jasné opory v datech. Je zjevné, že autorka do tohoto výzkumného projektu investovala mnoho času a úsilí a, jak jsem zmínil výše, vygenerovala velké množství cenných primárních dat a některé zajímavé výsledky. Oceňuji též ambiciózní plán autorky a chuť naučit se poměrně velké množství analytických metod. Vzhledem k výše zmíněným problémům však práci nemohu navrhnout k obhajobě s hodnocením jiným, než-li 3 (dobře).

Otázky k obhajobě:

- (1) Váš popis fylogenetického druhového konceptu (str. 13) je zcela v nesouladu s tím, co vědecká komunita obvykle pod tímto pojmem rozumí. Jaká jsou dvě základní kritéria fylogenetického druhového konceptu a pokud byste se jimi řídila, k jakému závěru byste výhradně na základě stromu v obr. 4.1 dospěla?
- (2) Co vy osobně považujete za druh?
- (3) Proč jste v analýzách konkatenovaného alignmentu definovala jen jeden substituční model?
- (4) Ve vědecké komunitě probíhá diskuze ohledně toho, zda molekulární data konkatenovat, nebo nekonkatenovat. Odpůrci konkatenace argumentují tím, že je nesmysl míchat dohromady molekulární markery, které jsou potenciálně vystaveny naprosto odlišným evolučním tlakům a mohou mít naprosto odlišné evoluční tendence. Napadá vás nějaký protiargument? A proč vlastně konkatenujeme?

Poznámka: Např. opakované tvrzení o vysoké statistické podpoře tří trnG linií, když v dotyčném stromě (obr. 4.1) linie B ani nemá uvedeny statistické podpory a autorka pro ni používá statistické podpory pro klád AB. Dále v Diskuzi na str. 59, "Spojením (konkatenací) obou sekvencí jsem získala dvě rozdělené skupiny: linie A a dvojice linií B s C (viz obr. 4.3)." Dotyčné stromy ovšem topologií (A(BC)) vůbec neukazují.



V Olomouci dne 01. 09. 2019

Mgr. Jan Kollár