

Posudek oponenta na diplomovou práci

| | |
|--|---|
| <input checked="" type="checkbox"/> oponentský posudek | Jméno posuzovatele: <i>RNDr. Eduard Kočárek, Ph.D.</i> |
| | Datum: <i>19.9.2009</i> |
| Autor: <i>Markéta Pastuchová</i> | |
| Název práce: <i>Evoluce karyotypu u pavouků čeledi Atypidae a Pholcidae</i> | |
| Cíle práce <i>Práce si klade za cíl podrobněji cytogeneticky prozkoumat 6 druhů čeledi Pholcidae, 2 druhy čeledi Atypidae a jeden druh čeledi Sicariidae. Ze zjištěných dat pak autorka vyvozuje obecnější závěry týkající se možné evoluce zkoumaných druhů, popř. skupin pavouků. Zvláštní zřetel je kladen k evoluci jejich pohlavních chromozomů. K práci byly použity nejen klasické cytogenetické metody (tj. studium obarvených chromozomů v různých fázích meiózy), ale také molekulárně cytogenetický aparát (metoda FISH umožňující vizualizaci oblastí organizátorů jadérka).</i> | |
| Struktura (členění) práce, odpovídá požadovanému? <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE Rozsah práce (počet stran): <i>76</i> Je uveden anglický abstrakt a klíčová slova, <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE Je uveden seznam zkratk? <input type="checkbox"/> ANO <input checked="" type="checkbox"/> NE | |
| Literární přehled: Odpovídá tématu? <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE Je napsán srozumitelně? <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE Použil(a) autor(ka) v rešerši relevantní údaje z literárních zdrojů? <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE Jsou použité literární zdroje dostatečné a jsou v práci správně citovány? <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE | |
| Materiál a metody: Odpovídají použité metody experimentální kapitole? <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE Kolik metod bylo použito? <i>Tři klasické cytogenetické metody (izolace chromozomů s klasickým barvením, C-pruhování, vizualizace oblastí NOR pomocí stříbření) a jedna molekulárně cytogenetická metoda (FISH s nepřímou značenou sondou k lokalizaci rDNA). K provedení FISH autorka sama připravila několik sond a označila je metodou nick-translace. Autorka si rovněž osvojila metody sběru, determinace a chovu pavouků.</i> Jsou metody srozumitelně popsány? <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE <i>Drobné výhrady uvádím v dalších částech posudku.</i> | |
| Experimentální část: Je vysvětlen cíl experimentů? <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE Je dokumentace výsledků dostačující? <input checked="" type="checkbox"/> z větší části ANO <input type="checkbox"/> NE - v čem jsou nedostatky? Postačuje množství experimentů k získání odpovědí na zadané otázky? <input checked="" type="checkbox"/> ANO <input type="checkbox"/> NE – co chybí, v čem je nedostačující? <i>(1) V práci nejde o experimenty v klasickém slova smyslu, ale především o postupy umožňující vizualizaci chromozomů, popř. určitých jejich úseků. Tyto metody jsou ovšem samy o sobě plně dostačující k získání relevantních závěrů. V práci však postrádám bližší dokumentaci týkající se hybridizačních výsledků rDNA sond, připravených z různých druhů</i> | |

pavouků. Teprve v diskusi se objevuje zmínka, že sonda z *Pholcus phalangioides* byla pro vznik značného fluorescenčního pozadí při identifikaci rDNA u pholcidů nevhodná (str. 63) a dále, že k vizualizaci oblastí NOR u čeledi Atypidae bylo třeba použít sondu od pavouka rodu *Aliatypus*, neboť sondy od ostatních pavouků nedávaly dobré výsledky (str. 65). Je škoda, že autorka tyto hybridizační pokusy v práci nejen bližší nedokumentovala, ale že o nich ani nezařadila informace do metodiky, resp. do výsledků (v metodické části čteme pouze vágní tvrzení o tom, že na FISH byly využity sondy ze tří druhů pavouků – viz str. 28).

(2) Je škoda, že v práci byl jen u některých zkoumaných pavouků srovnáván výsledek FISH se sondou na rDNA s výsledkem klasického stříbření, třebaže každá z metod má poněkud odlišnou specifitu. Týká se to zejména druhu *Pholcus phalangioides*, kde autorka uvádí, že výsledky FISH byly nejasné a lokalizace regionů NOR tudíž velmi obtížná (str. 36). Vzhledem k tomu, že se jedná o druh, který se běžně vyskytuje na území ČR, určitě by nebyla nouze o získání dalšího materiálu, na němž by se dala provést vizualizace NOR, eventuálně odzkoušet upravený hybridizační protokol (viz též dotaz v závěru).

Diskuze:

Je opravdu diskuzí, nejde jen o konstatování vlastních výsledků? ANO NE

Jsou výsledky porovnávány s literaturou? ANO NE

Jsou uvedeny nějaké hypotézy či návrhy na další řešení problematiky? ANO NE

Závěry (Souhrn) :

Jsou výstižné? ANO NE

Formální úroveň práce (obrazová dokumentace, grafika, text, jazyková úroveň):

Formální úroveň práce je slušná, text je přehledně a logicky členěn, takže se v něm čtenář snadno orientuje. Obrazová dokumentace vhodně doplňuje text, většina obrázků meiotických chromozomů a výsledků FISH je (s ohledem na často nesnadné získání materiálu a poměrně malý výtěžek hodnotitelných meiotických figur) velmi zdařilá. Pouze obr. 1 (str. 8)

znázorňující možnou fylogenezi pavouků není příliš jasně čitelný.

Za vyhovující pokládám i jazykovou kvalitu, i když jsem v tomto směru nucen vytknout některé anglikanismy, používání laboratorní „hantýrky“ (zejména v metodické části) i nepříliš vhodné skloňování některých cizích termínů.

Některé příklady:

(1) Rodový název *Drosophila* v latinské transkripci nelze ve 2. pádě singuláru skloňovat: „*Drosophili*“ (opakovaně str. 7, str. 63). Pokud nechci používat českého termínu octomilka, mám k dispozici i počestěný ekvivalent *drozofila* (2.p. j.č. pak ovšem „*drozofily*“!)

(2) Stejně tak nelze latinský název *Filistata insidiatrix* skloňovat „u jednoho druhu *Filistaty insidiatrix*“ (str. 24).

(3) Z formulace na str. 22: „*Gen pro 18S RNA je ve fylogenezi vůbec nejpoužívanější ribozomový gen,*“ lze primárně těžko pochopit, že jde o gen nejčastěji používaný ve studiích fylogeneze.

(4) Formulace na str. 23: „*Mitochondriální rRNA geny jsou používány hlavně na obratlovcích*“ je další ukázkou toho, jak kumulace jazykových nepřesností může výrazně snížit srozumitelnost sdělení. Teprve ze smyslu následujícího textu je zřejmé, že autorka míní mitochondriální geny kódující rRNA, jejichž studium lze využít k výzkumu fylogenetických vztahů mezi obratlovci. Podobných nejasných formulací se v subkapitole 2.4.3.1 vyskytuje více.

(5) Výraz „*pastérka*“ (str. 26) lze použít v laboratorní hantýrce, ale ne v odborném textu. Raději: „*Pasteurova pipeta*“.

(6) Výraz NOR je zkratka odvozená z angličtiny (Nucleolar Organizer Region), a proto je velmi problematické její skloňování v podobě „*detekce NORů*“ (str. 27), „*tvořící NORy*“ (str. 28), „*lokalizace NORů*“ (str. 36), „*NORy jsou přítomny*“ (str. 36, 41 a 47), „*jeden z NORů*“ (str. 49), „*oblast menšího NORu*“ (str. 49), „*vizualizace NORů*“ (str. 52),

„o distribuci NORů“ (str. 62) atd.

(7) Formulaci „byly zakápnuty 20 μ l antifadem“ (str. 30) je další ukázkou nepřiliš vhodného skloňování. „Antifade“ je anglický termín, který lze takto velmi obtížně skloňovat – raději „byly zakápnuty 20 μ l roztoku antifade“ ... přitom by také mělo být uvedeno, jaké složky tento roztok obsahoval nebo alespoň, od které firmy byl zakoupen (což jsem v práci nenašel).

(8) V popisu FISH (str. 30) se objevuje zkratka BSA, aniž by autorka vysvětlila, že jde o bovinní serumalbumin. Časté používání mnoha dalších zkratek bez uvedení jejich vysvětlivek snižuje srozumitelnost textu.

(9) Pozor na občasné překlepy, a to i v odborných termínech; např.: „autonomů“ místo autozomů (str. 17), „diploidní“ místo diploidní (str. 63), „*Sachromyces cervisiae*“ místo *Saccharomyces cerevisiae* (str. 22), „chromozmy“ místo chromozomy (str. 26), „ohrnyky coils“ místo „ohrnyki coils“ (str. 43), „Evolution fo multiples“ místo *Evolution of multiple* (str. 72, citace práce J. Krále).

(10) Slovo standardní píšeme na konci s „d“ nikoli „t“ (str. 57).

Splnění cílů práce a celkové hodnocení:

Práce doplňuje a rozšiřuje současný stav poznání pavouků a jejich možných fylogenetických vztahů. Autorka jako první určila karyotyp šesti druhů čeledi Pholcidae a doplnila poznatky o karyotypech druhů *Atypus piceus* a *Atypus affinis* (čeleď Atypidae). Získaná data kriticky srovnává se staršími i zcela recentními literárními údaji a využívá je k interpretaci možných evolučních vztahů mezi jednotlivými druhy, popř. skupinami. Velmi zajímavá je její teorie o možnosti konverze pohlavní determinace X_1X_2Y na XO u některých haplogynních pavouků. Jako první z laboratoře cytogenetiky pavoukovic PŘFUK úspěšně aplikovala metodu FISH k vizualizaci a dalšímu studiu úseků NOR. U 7 druhů pak mapovala výskyt rDNA na chromozomech a zamýšlela se nad jejich možnou rolí při párování pohlavních chromozomů při meiotickém dělení.

Celkově lze říci, že zadané cíle práce byly beze zbytku splněny. Autorka odvedla nejen dobrou práci v laboratoři, ale dokázala také, že je schopna syntetizovat i kriticky diskutovat informace získané studiem odborné literatury a srovnat tato data s vlastními výsledky.

Vytčené nedostatky, které jsem z titulu oponenta povinen uvést, by proto v žádném případě neměly být na překážku nejen přijetí práce, ale také jejímu pozitivnímu hodnocení.

Doporučuji proto, aby předložená práce Markéty Pastuchové **BYLA PŘIJATA K ÚSPĚŠNÉ OBHAJOBĚ**.

Otázky a připomínky oponenta:

(1) Práce postrádá seznam a vysvětlivky zkratek, což poněkud znesnadňuje pochopení textu. Autorka sice většinu zkratek vysvětluje v textu, avšak některé zkratky (např. EtOH, DAPI, BSA, SSC) nejsou vysvětleny vůbec. Uvažme, že diplomové práce by měly sloužit jako jeden z primárních informačních zdrojů dalším diplomantům, pro které budou mnohé zkratky zpočátku špatně srozumitelné.

(2) Část I (Úvod) je zčásti koncipována již jako literární rešerše, proto by se větší část údajů hodila spíše do druhé kapitoly (Literárního přehledu). Naopak v úvodu by bylo vhodné uvést, na kterých pracovištích byl výzkum proveden (i když to pak vysvítá z dalšího textu).

(3) Str. 14 dole – Autorka uvádí, že systém XY u *A. affinis* a *Leptonecta infusca* vznikl z XO přestavbou mezi chromozomem Y a autozomy. Jak se v systému XO najednou objevil chromozom Y? Jde o překlep (Y místo X) nebo je tím míněno, že chromozom Y v průběhu evoluce vznikl z autozomů a pak mezi ním a autozomy docházelo k přestavbám?

(4) Str. 18 nahoře – „Práce *Cokendolpha* ... zabývající se chromozomy tří rodů *Physocyclus* (*P. californicus*, *P. enaulus*, *P. sp.*)“ – nemělo by být spíše tří druhů rodu *Physocyclus* anebo zde „vypadla“ jiná informace?

(5) Str. 25 nahoře – tabulka 2 – Pozor na nedostatečnou a nejednotnou geografickou lokalizaci míst sběru. Lokality by měly být jednotně specifikovány podle klíče: název lokality – správní celek (provincie), kde se lokalita nachází – stát (popř. kontinent). Poněkud

zavádějící jsou zejména lokalizace „Jakubčovice nad Odrou Žleby (okr. Kutná Hora)“ a „České Budějovice a Žleby (okr. Kutná Hora)“.

(6) Str. 26 a 27 – Poněkud zarážející jsou nepřesné údaje o teplotě histologické ploténky při zpracování materiálu a C-pruhování (40 – 42 °C, při C-pruhování byla teplota o 5 – 10 °C nižší). Stejně tak je např. uvedeno, že při C-pruhování byly chromozomy inkubovány 3 – 5 minut v roztoku hydroxidu barnatého. Nemohl tento rozkvyv v teplotách, resp. v časech ovlivnit výsledky chromozomových analýz? Nebylo by přece jen vhodné protokoly pro další práci přesněji standardizovat?

(7) Str. 36 – Autorka píše, že chromozomy druhu *Pholcus phalangioides* podléhaly během protokolu FISH značné destrukci, o čemž vypovídá i obr. 5c. Nebylo tedy možné na nich odzkoušet upravený, méně drastický protokol? Je škoda, že výsledek FISH nebyl právě u tohoto druhu srovnán s výsledkem stříbření. Konečně tyto analýzy byly obě provedeny pouze u jediného ze všech studovaných druhů (viz též moje poznámka výše).

(8) Str. 61 – Autorka pokládá za pravděpodobné, že u skupiny *Holocnemines* systém X_1X_2Y konvertoval na $X0$ tak, že došlo nejdříve ke ztrátě chromozomu Y a poté k pericentrické inverzi u jednoho z X -chromozomů kombinované se vzájemnými translokacemi mezi chromozomy X_1 a X_2 . Výsledkem byl jediný chromozom X obsahující části materiálu obou původních chromozomů. Lze však namítnout, že ztrátou chromozomu Y , který drží oba chromozomy X v trivalentu, se pravděpodobnost translokace spíše snížila (tím spíše, když víme, že chromozomy X netvoří chiasmata a dochází snadněji k nondisjunkci). Existují (kromě existence druhů se systémem X_1X_20) pro tuto teorii, kterou autorka prezentuje, nějaké jiné (byť třeba jen nepřímé) důkazy?

(9) Str. 63, 65 a 66 – Problematika vizualizace NOR, resp. *rDNA* pomocí sond od různých druhů pavouků měla být blíže popsána a dokumentována v předchozích dvou kapitolách.

(10) Str. 66 – Autorka píše, že u *A. piceus* byl nalezen chromozom podobného vzoru a velikosti jako gonozom u *A. affinis*. Ale o který chromozom se jedná? Jde o jeden z chromozomů 7, které mají, jak píše autorka (viz str. 50), odlišný pruhovací vzor? Tento údaj by v diskusi neměl chybět.

(11) Navzdory výše uvedeným výhradám se domnívám, že uvedené výsledky by (po určitém dopracování) stály za publikaci v odborném periodiku.

Návrh hodnocení oponenta (známka nebude součástí zveřejněných informací)

V případě uspokojivé prezentace při obhajobě (včetně zodpovězení otázek) doporučuji práci hodnotit známkou výborně.

výborně velmi dobře dobře nevyhověl(a)

Podpis oponenta:

RNDr. Eduard KOČÁREK, Ph.D.
19. září 2009