

Posudek oponenta

David Ryšánek: Biogeografie, diverzita a substrátová specifita aeroterestrické zelené řasy rodu *Klebsormidium* (Streptophyta)

Diplomová práce Davida Ryšánka hledá odpověď na otázku, čím je určováno rozšíření fylogenetických linií běžně se vyskytující řasy *Klebsormidium* v temperátním pásmu severní polokoule. Pozitivem této práce je velmi solidní sampling, významně doplňující předchozí studie. S použitím adekvátní molekulárně fylogenetické metodiky se autor dobírá velmi zajímavých výsledků, které povětšinou správně interpretuje. Díky syntéze shromážděných dat úspěšně vyvrací dřívější domněnky o biogeografické izolovanosti linií uvnitř rodu *Klebsormidium*. Dále přináší přesvědčivá předběžná data svědčící o zásadním vlivu fyzikálně a chemicky odlišných typů substrátu pro evoluci a šíření této řasy. Domnívám se, že výsledky budou po určitých úpravách publikovatelné v mezinárodním vědeckém časopisu. Jediným zásadním problémem práce je forma, kterou je napsána. Celý text trpí řadou v principu drobných formálních nedostatků, které ale společně práci poněkud devalvují a je nezbytné, abych je zde alespoň krátce komentoval. Velká část obrázků a tabulek nesplňuje standartní požadavky, např. popisky tabulek jsou až pod tabulkami; v legendě převzatých obrázků chybějí citace původních autorů (Obr. 1-4); v Obr. 8-9 ve výsledcích jsou odběrové lokality vzorků odlišeny téměř nerozpoznatelnými barvami a názvy haplotypů v koláčových grafech jsou zcela nečitelné; v Obr. 11 nejsou vysvětleny barvy, atd. Stylistická kvalita textu není příliš dobrá, místy se zdá vypovídat o nepřiliš zdařilém překladu z angličtiny. Kromě spíše úsměvných překlepů typu „BBM médium obohacené o půdní dekol“ (str. 22), nebo stále se opakující „Bayesovy interference“, jsou některé formulace vyloženě chybné a velmi ztěžují čtení textu, např. „byly...vyizolovány jednotlivé narostlé mikrokolonie za použití metody single cell PCR“ (str. 22) nebo „dochází ke fluktuaci výskytu environmentálních faktorů“ (str. 10-11), a mnoho dalších. Místy dochází až k vytváření nesrozumitelností a logických nesmyslů. Příkladem je už samotný nepřesný název diplomové práce, viz protřečící si první větu abstraktu: „Vlákniatá aeroterestrická (tj. suchozemská, pozn. oponenta) řasa rodu *Klebsormidium* se nachází v širokém spektru prostředí, tj. od sladkovodního po terestrické.“ Do podobného soudku patří i zmatky s osídlením hrubé a hladké borky stromů na str. 12, a jiné. Přes výše uvedené nedostatky považuji práci za velmi cennou a doporučuji ji k obhajobě. Celkové hodnocení může být **velmi dobře**, v případě perfektní obhajoby až **výborně**.

Otázky:

- 1) Zaujala mě diskuze týkající se velice netypické vyšší variability lokusu *rbcL* než ITS u rodu *Klebsormidium*. Uchazeč navrhuje vysvětlení, že „se v *rbcL* genu v důsledku dlouhé evoluční historie nahromadila spousta variabilních míst.“ (str. 35) Proč se v lokusu ITS v průběhu stejně dlouhé historie variabilní místa tolik nenahromadila?
- 2) Proč byl zvolen k sekvenaci úsek *rbcL* dlouhý jen 606 bp, když existují fungující postupy pro sekvenaci úseku dvakrát delšího, který prokazatelně zlepšuje fylogenetický signál?
- 3) Bootstrapové podpory (metody ML a MP) u fylogenetických linií A-G jsou často nízké. Jak moc odpovídala topologie optimálních stromů vypočtených těmito metodami topologii bayesovského stromu? Považuje uchazeč toto rozdělení supercladů za důvěryhodné, a proč?
- 4) Ve skupině D uchazeč spekuluje o biogeografickém omezení na západní Evropu. Nenaznačují ale výsledky celé práce a přítomnost jedné sekvence z Japonska v sesterském cladu v rámci skupiny, že jde spíše o artefakt nedostatečného samplingu?
- 5) Proč byly pro účely hodnocení biogeografie a vlivu substrátu z alignmentů vyřazeny všechny sekvence kromě vlastních? Nebylo by užitečné interpretovat také strom obsahující všechny dostupné sekvence, z nichž alespoň pro některé určité jsou známa data o místě původu a/nebo substrátu? To by mohlo být vhodné zejména v situaci, kdy má uchazeč pro každý typ substrátu zatím pouze jednu odběrovou lokalitu. Nevedlo by zařazení těchto sekvencí také k vylepšení haplotypové sítě?

Další poznámky (netřeba projednávat u obhajoby): Tab. 1 se zdá být celá nadbytečná; Obr. 10 – byl by vhodný statistický test, zda je rozdíl pH signifikantní; místo kapitol 2.2.1.-2.2.6. a 2.3.1-2.3.4. by stačila tabulka.

V Českých Budějovicích dne 21. 5. 2012, Jan Mareš