

Posudek oponenta

Autor práce: Rebeka Matulová

Název práce: Výber variabilných chloroplastových a jadrových markrov pre štúdium evolučných vzťahov v agregáte *Pinguicula vulgaris*

Typ práce*: bakalářská

	Kritérium hodnocení	Hodnocení						
		A	B	C	D	E	F	nelze hodnotit
1	rozsah práce, vyváženost rozsahů jednotlivých částí a jejich strukturovanost		x					
2	kvalita literární rešerše (např. množství použitých původních pramenných zdrojů, vhodnost výběru)			x				
3	naplnění cílů podle zadání práce a poznatků z literární rešerše	x						
4	správnost a úplnost legend u obrázků a tabulek (např. srozumitelnost bez zřetele k ostatnímu textu, vysvětlení značek, jednotky uváděných veličin)		x					
5	správnost používání citačních odkazů (např. přítomnost necitovaných údajů, dodržování jednotného stylu citací)		x					
6	výstižnost souhrnu práce v českém a anglickém jazyce		x					
7	grafická úprava textu a obrázků	x						
8	jazyková a stylistická úroveň, respektování platné nomenklatury a terminologie	x						
9	volba vhodných experimentálních metod	x						
10	srozumitelnost a výstižnost popisu používaných metod	x						
11	úroveň zpracování experimentálních dat		x					
12	adekvátnost interpretace dílčích experimentálních dat	x						
13	diskuze (souhrn získaných výsledků a jejich začlenění do kontextu dosavadního výzkumu)			x				

Poznámka 1: Pokud charakter práce nedovoluje použít některé z Kriterií hodnocení, použijte sloupec "nelze hodnotit"

Poznámka 2: Hodnocení křížkujte

Poznámka 3: Do výsledné známky se započítávají jen hodnotitelné položky

* - vyberte „bakalářská“ nebo „diplomová“

**Známka
(A-F)**

B

Závěr: práci doporučuji k obhajobě

V Olomouci dne: 10. srpna 2020

RNDr. Michal Hroneš, Ph.D.

Bakalářská práce Rebeky Matulové se zabývá hledáním vhodných variabilních jaderných a chloroplastových markerů, které by pomohly vyřešit otázku příbuznosti vysoce polyploidní skupiny nominálního podrodu tučnic. Práce má 32 stran a je standardně členěná. Jazyková stránka práce je, nakolik mohu soudit, na dobré úrovni. Překlepů je jen malé množství (např. „Ralsko-bezdežskej tabuli“ na str. 1). Citační aparát je standardní, drobným chybám se však studentka nevyhnula (např. Degtarjeva 2006 namísto Degtarjeva et al. 2006 na str. 8). Poněkud nestandardním řešením je také uvádění „per. communication“ a „unpublished“ namísto jejich slovenských ekvivalentů.

Literární přehled se skládá ze tří kapitol. V první kapitole studentka charakterizuje studovaný rod, jeho morfologii, rozšíření atd. Druhá kapitola pak charakterizuje skupinu tučnice obecné se zaměřením na ČR. Obě kapitoly jsou poměrně obsáhlé, bez větších nepřesností. I přesto se jich do textu několik vloudilo. Na straně 3 studentka uvádí výskyt *P. alpina* na území ČR, není mi ale úplně jasné odkud údaj pochází. Na straně 5 studentka zmiňuje historický výskyt *P. vulgaris* v Krkonoších. Údaj, na kterém se toto tvrzení zakládá, je ale velmi sporný, a navíc explicitně nezmiňuje *P. vulgaris* ale *P. alpina*. Na straně 8 studentka chybně uvádí, že v diplomové práci Válové (2013) vykazovaly analyzované vzorky *P. bohemica* největší velikost genomu. Velikost genomu byla naopak nejnižší, ale vzhledem k tomu, že Válová prezentuje jen poměr ku standardu, má *P. bohemica* nejvyšší hodnoty tohoto poměru. V poslední kapitole studentka shrnuje molekulární markery používané v biosystematice rostlin. Velkou pozornost věnuje metodám, které jsou již řadu let spíše okrajové. Naopak metody, které se v posledních letech stále více uplatňují, shrnuje v jedné větě s tím, že jsou finančně náročné a jejich výstupy jsou jen omezeně hodnotitelné, což je překvapující tvrzení, se kterým nelze souhlasit. Řada metod se již celkem rutině používá a vzhledem k objemu dat, které poskytují, jsou levnější než klasické sekvenování.

Kapitoly Materiál a Metody a Výsledky jsou standardní, občas možná až příliš podrobné, když uvádí značku použitých pipet a dalšího laboratorního vybavení.

Diskuze je poměrně krátká. Chybí mi zde například srovnání výsledků s variabilitou markerů dosud používaných ve fylogenezích tučnic. V celé práci poněkud chybí přehled, které markery byly vlastně doposud při rekonstrukci fylogenetických vztahů tučnic používány.

Kromě výše uvedeného mám na studentku následující dotaz:

Která metoda/y založená na NGS přístupech by byla vhodná pro rekonstrukci fylogeneze a rozlišení jednotlivých taxonů tučnic, pokud přihlídneme k jejich vysokému stupni polyploidie?

I přes výše uvedené považuji práci za zdařilou, naprosto splňující požadavky kladené na bakalářské práce a **doporučuji** ji k obhajobě.

V Olomouci dne: 10. srpna 2020

RNDr. Michal Hroneš, Ph.D.