



**Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta
Katedra parazitologie**

Viničná 7, 128 44 Praha 2

Tel: 221951820; Fax: 224919704; E-mail: parazit@natur.cuni.cz

<http://www.natur.cuni.cz/parasitology/>

**Posudek oponenta na magisterskou diplomovou práci
Bc. Evy Černotíkové "Molekulární fylogeneze vybraných
druhů rybích hlístic podřádu Spirurina na bázi SSU rRNA
genů"**

Předložená diplomová práce se zabývá poměrně aktuálním tématem. Již řadu let je na základě molekulárně-fylogenetických analýz zřejmé, že dělení hlístic do jednotlivých taxonů podle původních morfologických kritérií není zcela vyhovující a odpovídající skutečným příbuzenským vztahům. Detailní molekulárně-fylogenetické studie jednotlivých skupin jsou tedy více než žádoucí a Eva Černotíková k tomu přispívá svojí diplomovou prací.

Díky zázemí i kontaktům na Parazitologickém ústavu mohla Eva Černotíková zpracovat poměrně unikátní materiál, který pochází i ze vzdálených geografických oblastí. Vyhodnocení sekvencí SSU rDNA získaných z 38 zástupců dvou řádů hlístic a jejich srovnání se sekvencemi dostupnými v GenBank umožnilo učinit několik zajímavých závěrů stran monofylie/parafylie studovaných taxonů (např. u čeledi Philometridae a Physalopteridae), a tedy i platnosti/samostatnosti některých taxonů (např. podrodů *Globochona* a *Rhabdochona*) - viz přehledné závěry diplomové práce; tato data jsou jistě dostatečným stimulem k zamyšlení se nad revizí taxonů v rámci spiruridních (případně také askaridních) hlístic.

Domnívám se, že všechny části práce odpovídají nárokům na práci diplomovou: úvod do problematiky je stručný a výstižný, podává dostatečnou informaci o starším i novějším třídění hlístic, cíle práce jsou jasně definovány, metodika dostatečně podrobná, výsledky i diskuze stručné, ale výstižné, množství použité literatury adekvátní.

Po stránce formální nutno konstatovat, že jde o pečlivě zpracovanou práci – množství překlepů či jiných formálních chyb je minimální a konstrukce českých vět bezproblémová, což není v dnešní době zcela samozřejmé. I přesto si dovoluji uvést pár příkladů drobných chyb či nepřesných formulací, které lze v práci najít:
str. 5: Jsou zástupci taxonu Trichinellida skutečně parazity všech hlavních živočišných taxonů (včetně bezobratlých)?

str. 1, 3, 8, atd.: Asi by bylo vhodné sjednotit užívání termínu jícen vs. hltan. Tento terminologický problém je vysvětlen na str. 1, nicméně dále se "střídavě" píše o faryngeálních strukturách (str. 3) a jícnu (str. 8).

str. 10: První věta kapitoly 1.4.2. není dobře formulovaná, neboť z ní lze dedukovat, že zástupci prvních čtyř (vyjmenovaných) nadčeledí spirurinních hlístic parazitují

"pouze" v rybách (" , zatímco zbývající jsou parazity") ... a to samozřejmě není pravda.

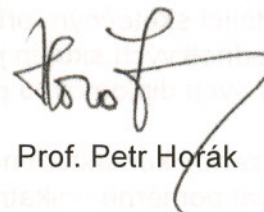
str. 13: Záhloví tabulky neodpovídá přesně jejímu obsahu.

str. 21: V tabulce 3 je *Toxocara canis* uvedena jako druh v rámci Ascarididae i Toxocaridae. Lze objasnit, proč je *Strongyloides ratti* zařazen do řádu Monhysterida a nikoli do Rhabditida?

str. 27: Nepřesné vyjádření - "... povýšení čeledi Anguilliculoidea na nadčeď ..." "

Je jasné, že výše uvedené příklady jsou drobnými nepřesnostmi, které nesnižují kvalitu předložené diplomové práce. Zvláštní je, že při čtení této práce získávám díky "strohosti", stručnosti a přesnosti formulací spíše pocit/dojem, že jde o dílo vyzrálého precizního vědce než o diplomovou práci nadšené a zapálené mladé studentky. To je asi na jednu stranu chvályhodné (vědecká sdělení často vyžadují tento styl), na stranu druhou však může být čtenář ochuzen o pocit "spoluúčasti při objevování velkých a významných věcí".

Diplomovou práci jednoznačně doporučuji k úspěšnému obhájení.



Prof. Petr Horák

Praha 31. 5. 2010

Oponentský posudek na magisterskou práci Bc. Evy Černotíkové

Molekulární fylogeneze vybraných druhů rybích hlístic podřádu Spirurina na bázi SSU rRNA genů

Předložená diplomová práce se zabývá fylogenezí spiruridních hlístic. Práce je podle mne výjimečná poměrně velkým množstvím získaných sekvencí druhů z rozsáhlého počtu různých čeledí hlístic. Navíc jde nepochybně o zpracování unikátního materiálu, který nashromáždil školitel diplomantky a jeho spolupracovníci, kterým po právu autorka práce děkuje. Dále bych rád hned na úvod vyzdvihnul, že výsledky této fylogeneticky zaměřené práce mají mimořádný význam pro současnou taxonomii hlístic.

Z úvodu je zřejmé, že bylo syntetizováno velké množství literatury, které je k danému tématu k dispozici. Text tohoto literárního přehledu je velmi srozumitelný a čtivý. To, že jsem se místy ztrácel v bludišti obrovského počtu tříd, podtříd, řádů, podřádů, nadčeledí, čeledí ale také molekulárně-taxonomicky definovaných "cladů" a jiných skupin, je dáno opravdu velmi složitou taxonomií helmintů, ne nedostatkem magisterské práce. Naopak to úvod této práce povyšuje na komplexně a kvalitně zpracovanou literární rešerši o taxonomii parazitických hlístic. Jedinou malou výtku mám ohledně českého překladu SSU rRNA genu. Tato již tradiční chyba se vyskytuje jak v úvodu tak i v celé magisterské práci a asi nejvíc bije do očí v metodice na straně 17, kde se píše: "Úsek malé ribozomální podjednotky (SSU) byl amplifikován..." Zde navíc byla zavedena již druhá zkratka pro ten samý marker (v předchozím textu uváděná SSU rRNA).

Čtyřstránková tabulka jedna uvádějící materiál, který byl k dispozici, je dokladem jednak velkého počtu získaných sekvencí ale také velkého potenciálu nesekvencovaných druhů, který čeká na budoucí zpracování. Tabulka je přehledná, přesto bych volil asi klasickou sloupcovou formu. Popis v záhlaví tabulky končí lokalitou, ale u jednotlivých druhů je uváděn ještě rok odběru a konkrétní osoba, která parazita našla. Mé následující připomínky k metodice ale směřují zejména k popisu datasetů a outgroupů. Druhý odstavec v kapitole Analýza sekvencí na str. 20 je matoucí. Jednak je v něm uvedeno 138 sekvencí převzatých z genové banky s odkazem na tabulku 3, ve které je obsaženo jen 127 sekvencí. Ale hlavně jsou zde popsány dva datasety, na jejichž základě jsou, jak snad správně předpokládám, zkonstruovány stromy na obr. 5 a 6, není zde ovšem uvedena žádná informace ke zbývajícím čtyřem datasetům. Dále u těchto čtyř datasetů není zmíněno, které sekvence sloužily jako outgroup (i když to lze ze stromu odtušit) a to ani v popisích k jednotlivým vyobrazeným stromům. *Brevibucca* sp. jako jeden z outgroupů, které byly zvoleny pro první dataset, má ve výsledném stromu velmi dlouhou větev a proto by mohl ovlivňovat výslednou topologii artefaktem přitahování dlouhých větví. Bylo by dále vhodné uvést počet informativních pozic u jednotlivých alignmentů zejména proto, že stromy na obrázcích 7, 8 a 9 jsou výsledky podrobnější analýzy s méně taxony se snahou docílit lepšího rozlišení topologií.

Grafické znázornění příbuzenských vztahů na obrázcích 5 až 9 je velmi zdařilé. Okomentovat výsledky analýzy, které vyplývají z fylogenetických stromů, je často velmi nesnadné a v případě předložené analýzy to platí dvojnásobně. Diplomantka si až na pár drobností ovšem poradila velmi dobře. Na str. 27, ř. 8 je tvrzení, které jsem ze stromu nevyčetl a nepochopil: "Monofylie nadčeledi Dracunculoidea je po povýšení čeledi Anguilliculoidea na nadčeď silně podpořena." Prosím objasněte. Dále věta (str. 27, ř. 28): "Rody *Philometra*, *Philometroides* a *Dentiphilometra*, i přes doplnění datasetu o další druhy, zde zůstávají parafyletické" je rozporuplná, protože doufat, že tyto rody po doplnění datasetu o další druhy budou monofyletické, je prakticky velmi nereálné. Na str.

28 je jako vysoká posteriorní pravděpodobnost označena hodnota 0,95. BI podpora je obecně diskutabilní, ale řekl bych, že zmíněná hodnota značí spíše střední podporu BI analýzy.

Diskuze je napsána velmi zdařile. Dává do souvislosti výsledky fylogenetických analýz se současnou taxonomií, ale i s morfologickými a behaviorálními charakteristikami hlístic. Jediný rozpor jsem objevil na str. 36, kde je tvrzení, že čeleď Philometridae je monofyletická - fylogenetický strom na obrázku 5 a 7 dokládá parafýlii čeledi. V souvislosti s častou diskuzí nad nesouladem fylogenetických pozicí jednotlivých druhů a současnou taxonomií bych si dovolil poznámku nebo spíše námět do diskuze: Nebylo by vhodné k popisům nových druhů hlístic zároveň do publikací uvádět i fylogenetickou pozici jednotlivých nově ustanovených druhů? Přinejmenším by se tím předešlo pozdějším zbytečným taxonomickým revizím. Jako příklad může sloužit přeřazení druhu *Phylometroides hydrocyoni* do nově ustanoveného rodu *Afrophilometra* Moravcem a kol. (2009), který se větví v rámci druhů r. *Philometra*.

Závěry dobře sumarizují výsledky dosažené v magisterské práci i s návrhem určitých taxonomických změn, např. povýšení podčeledi Philonemidae na čeleď z důvodu vytvoření monofyletické čeledi Phylometridae.

Přes uvedené víceméně nezávažné připomínky a poznámky hodnotím práci jako velmi zdařilou a hodnotím stupněm výborně.



RNDr. Ivan Fiala, PhD

V Českých Budějovicích, 26. května 2010