

Posudek na bakalářskou práci Kateřiny Hrubé „Diverzita, hostitelská specifická a fylogenetické vztahy tasemnic rodu *Monobothrioides* (Cestoda: Caryophyllidae), parazitů sumcovitých ryb Afriky“

Bakalářská práce se zabývá taxonomií tasemnic rodu *Monobothrioides* z afrických ryb. Práce by se dala rozdělit na dvě části – teoretickou s velmi podrobným literárním přehledem a experimentální s morfologickou dokumentací nalezených druhů a jejich fylogenetickou analýzou. Práce si klade tři základní cíle i) v literární rešerši získat údaje o popsání druhů rodu *Monobothrioides* a jejich hostitelích, ii) morfologický popis získaných druhů tohoto rodu a iii) posouzení příbuzenských vztahů na základě molekulárních dat. První dva cíle jsou podle mne splněny velmi dobře u posledního jsem již tak spokojený nebyl.

Literární přehled je napsán srozumitelně, čtivě a velmi podrobně. Oceňuji i velmi podrobné údaje o hostitelích. Osobně bych ovšem velmi zredukoval úvodní kapitulu 3.1 charakterizující na sedmi stranách obecně celou skupinu tasemnic, kdy informace jsou čerpány hlavně ze dvou literárních zdrojů Volf a kol. 2007 a Roberts a Janovy 2006. Mimochodem, v citaci literárního zdroje by čárka před letopočtem být neměla, i když vím, že v současnosti některé časopisy toto pravidlo již neřeší.

K metodice mám následující připomínky a dotazy:

- V metodice chybí popis významné části postupu pro získání sekvence studovaného genu: i) jak byl produkt separovaný na gelové elektroforéze izolován popřípadě pročištěn a ii) jakým způsobem byl sekvenován, použité primery. Úplně **chybí metodika zpracování částečných sekvencí, tvorba alignmentu a zejména chybí popis použitých fylogenetických metod**, což považuji za zásadní nedostatek. Kdyby student chtěl podle této práce zopakovat výsledky, tak by skončil u nanesení PCR na gel a zdokumentování gelu po jeho elektroforéze!!!
- V kapitole 4.1 se uvádí, že tato práce je založena také na materiálu z muzejních sbírek, včetně dostupného typového materiálu. Ve zbytku práce ale tento materiál již prakticky neřešíte. Použila jste ho na přímé porovnání s vaším materiálem?
- V kapitole 4.2.2 je uvedeno, že gen kódující 28S rDNA byl amplifikován metodou PCR – Byl amplifikován tedy celý gen nebo jen jeho část (a která)?
- Nepřesně formulovaná úvodní věta kapitoly 4.1 „Zkoumaný materiál tasemnic byl nasbírán z více než 2000 sladkovodních ryb 120 druhů 23 tříd.“ budí dojem, že přes 2000 jedinců ryb bylo infikováno tasemnicemi a ty byly v předložené práci zkoumány.
- V tabulce 3 v seznamu všech 120 vyšetřených druhů jsou také nalezené druhy tasemnic, ovšem k mému překvapení tam chybí právě v bakalářce studované druhy! Proč nejsou v tabulce uvedeny? Tabulka 3 má ještě jeden zajímavý údaj, a to ten, že tasemnice *Tetracampos martinae* byla nalezena u druhu *Bagrus meridionalis*, ovšem počet vyšetřených ryb tohoto druhu ve všech oblastech je nula...?

Připomínky a dotazy ke kapitole Výsledky:

- Ve výsledcích v kapitole 5.2 je uvedeno, že typovým hostitelem druhu *M. chalmersius* je *Clarias* sp. s odkazem na kapitolu 3.4.2. Zdálo se mi podivné, že typovým hostitelem je nepopsaný druh tak běžného rodu jako je *Clarias*, tak jsem pátral v kapitole, na kterou bylo odkazováno, ale žádnou informaci ani o popisované tasemnici ani o hostiteli jsem zde nenašel. Je opravdu jako typový hostitel uveden *Clarias* sp.?
- Kapitola 5.8 – celkem získáno 12 sekvencí s odkazem na tabulku 1, ve které je uvedeno jen 11 vzorků.
- Proč byly vybrány pro izolaci DNA a následnou fylogenetickou analýzu pouze vzorky dvou popsáných druhů a ne vzorky ještě dalších dvou druhů, kterými jste se v práci zabývala. Ve fylogenetickém stromu jsou dva druhy označeny jako *Monobothrioides* n. sp. – předpokládám, že jsou to druhy sp. 1 a sp. 2, které jsou vámi morfologicky popisovány. Mělo by být uvedeno, kdo vám sekvence poskytl, když nepochází z genové banky.
- V kapitole 5.8 uvádíte čtyři osekvenované druhy – v předložené práci jste ovšem osekvenovala pouze druhy dva. Dále jsou zde zmiňovány genetické linie na úrovni druhů a také se zde mluví o haplotypech. Přičemž v popisku ke stromu je uvedeno, že koncové uzly představují několik zástupců s identickými sekvencemi. Co si tedy představujete pod pojmem „genetická linie na úrovni druhů“ a „haplotyp“?
- Z výsledku fylogenetického stromu vyplývá, že řada uzlů není dobře podpořena a proto příbuzenské vztahy nejsou úplně jasné. Proč v tomto případě nebyly použity další velmi běžné a standartně používané fylogenetické metody maximální parsimonie a Bayesovské analýzy, které by mohly potvrdit stejné větvení, popřípadě naznačit alternativní topologie?

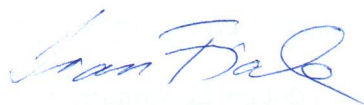
Diskuze je zdařilá, dává do kontextu nové údaje s těmi literárními. Porovnává hlavní znaky studovaných tasemnic a obsahuje diskuzi nad druhovým zařazením tasemnic.

V závěru práce mě mate bod tři, ve kterém se udává, že byly nalezeny nové druhy r. *Monobothrioides*, které byly morfologicky dokumentovány a osekvenovány. Byly opravdu tyto vzorky v předložené práci sekvenovány?

Bakalářská práce bohužel působí nevyváženým dojmem, kdy morfologická část práce je na velmi dobré úrovni, zatímco fylogenetická část je velmi slabá až nedostatečná, zejména absence podstatné části metodiky. Kdyby se bakalářská práce věnovala jen morfologickému popisu, byl by výsledný dojem patrně mnohem lepší. Bakalářskou práci i přes řadu vznesených připomínek a zejména díky kvalitnímu morfologickému popisu hodnotím známkou velmi dobře.

V Českých Budějovicích

18.1.2013



RNDr. Ivan Fiala, Ph.D.