

Posudek na bakalářskou práci Jiřího Kyslíka **Nové fylogenetické markery pro rekonstrukci fylogeneze myxozoi.**

Když mě před nějakou dobou přišel Ivan Fiala požádat, jestli bych práci neoponoval, uvedl vše slovy: "Je to taková normální bakalářka" a musím říct, že to vystihl naprosto přesně. Nechci, aby to vyznělo nějak negativně, práce mohla být lepší, ale mohla být také (samozřejmě) mnohem horší. Přiznám se však, že se mi obtížněji hledalo, co práci vytknout a za co ji naopak vyzdvihnout a vlastně i co o ní vůbec napsat. Ale nyní už k samotnému posudku.

Laboratoř rybí protistologie se již léta zabývá odkrýváním fylogenetických vztahů myxozoi, (druhdy) enigmatické skupiny převážně rybích parazitů. V tomto směru patří bezesporu k světové špičce. Proto nepřekvapí, že se o totéž pokouší i tato práce. Cíle jsou formulovány poměrně nebojácně: autor se snažil najít geny, které by spolehlivě ukázaly vztah vůči jednotlivým skupinám žahavců. Zároveň by měly zlepšit rozlišení v rámci myxozoi a poskytnout robustní podporu větvení. Prostě sen všech myxozoologů!

Hned na začátek prozradím, že to tak úplně nevyšlo. Ale to asi ani nikoho nepřekvapí... a hlavně to nevádí. Základním účelem bakalářské práce je naučit studenty řemeslo a případný vědecký přínos je bonus navíc. V tomto případě se snad povedlo obojí. Práce má standardní členění i délku. Literární přehled na úvod věcně shrnuje problematiku a představuje studované organismy. Cíle jsou formulovány stručně, stejně jako vhodně zvolená metodika, u které oceňuji, že jsem se nemusel po tisíci a první prokousávat (mimo jiné) podrobným popisem gelové elektroforézy či klonování a izolace plasmidové DNA. Výsledky jsou prezentovány odpovídajícím způsobem. Práce bylo na tento stupeň studia asi tak akorát (i když Jiří má na to možná jiný názor). Je vidět, že autor metodicky zvládl celý proces od PCR až k interpretaci fylogenetických stromů. Za nástin analýzy syntenie a predikce transmembránových domén u mě získal body navíc. Diskuze je místy povedená (viz spekulace ohledně původu myxozoi na základě pořadí mitochondriálních genů), ale mohla by být asi obsáhlejší a víc pracovat s literaturou. Závěr je až příliš stručný a obsahuje zbytečně nadnesená tvrzení. Stoprocentně souhlasím snad pouze s poslední větou ☺.

Pokud bych měl pokračovat v kritice, tak největší slabinou práce byl pro mě místy dost kostřbatý jazyk (např. první věta strany 30 či o kousek dále spojení „dobře resolvable stromu s dobře podpořenými nody“). Věcných chyb jsem moc nenašel, spíš bych prosil o upřesnění následujících nejasností:

Na straně 15 píše autor, že hledal homology mitochondriálních genů žahavců ve volně dostupných genomových datech druhu *Myxobolus cerebralis*. Byly to skutečně původní SRA, nebo je před analýzou autor (případně někdo jiný) data spojil (asembloval) do větších celků? Pokud ano, jak? Má autor (případně školitel) představu o tom, jak by měl vypadat mitochondriální genom myxozoi? Očekává (pro metazoa) kanonickou genetickou výbavu?

(strana) 17. jaké parametry byly použity pro analýzu programem Phylobayes a proč?

19. autor spekuluje, že nalezený homolog cytochromu b pochází z gram-negativních bakterií. Má tím na mysli, že jde o kontaminaci, nebo o výsledek horizontálního přenosu? Navíc, usuzovat tak pouze z výsledků BLASTU je poněkud předčasné, jaký by měl být správný postup?

20. Každá z metod, použitých pro fylogenetickou rekonstrukci, poskytla jiný výsledek. Existuje(i) postup(y), jak tyto topologie mezi sebou porovnat a určit, která je nejpravděpodobnější?


20. Která z použitých metod by podle autora měla být nejrobustnější vůči artefaktům způsobeným rozdílem v evoluční rychlosti mezi žahavci a myxozoa? Která naopak nejnáchylnější? Ovlivnilo to nějak jeho interpretaci výsledků?

20. Jakou hodnotu 'posterior probability' považuje autor za známku robustní podpory větvení?

Na tomto místě bych si ještě dovolil jednu poznámku. Parazité mají většinou podstatně menší genetickou výbavu, než jejich volně žijící příbuzní. Zmenšování je (pravděpodobně) jednou z hlavních příčin větší evoluční rychlosti, kterou se parazitické organizmy obvykle vyznačují. Stejný princip platí i pro organely (mitochondrie a plastidy). V organelách parazitů se pak tyto dva jevy setkávají a umocňují, což vede ke vzniku často velmi divergentních sekvencí. Proto mi použití mitochondriálních sekvencí dat pro odhalení vztahu mezi parazitem a volně žijícím příbuzným (snad kromě analýzy syntenie) nepřijde příliš šťastné, a už vůbec ne za použití standardní fylogenetické metodiky. Na druhou stranu chápu, že patřičná analýza jde daleko nad rámec bakalářské práce, a proto tento fakt autorovi nijak nezazlívám.

Co dodat na závěr? Předkládaná práce bezesporu splňuje nároky na bakalářskou práci a měla by být úspěšně obhájena. I přes výše uvedené výhrady si myslím, že jde o práci kvalitní a při hodnocení váhám mezi stupněm **Výborně** a **Chvalitebně**. Je mi líto, že se nemohu zúčastnit obhajoby, která by mi nepochybně pomohla v rozhodování. Z tohoto důvodu nechávám rozhodnutí na zbývajících členech komise a autorovi přeji hodně štěstí (nejen) v budoucí vědecké kariéře.

Roscoff (FRA), 17.5. 2014


Aleš Horák