

OPONENTSKÝ POSUDOK

na diplomovú prácu **Bc. Lucie Uhrovej**

„Molecular phylogeny of Nearctic proteocephalids of the *Proteocephalus*-aggregate (Cestoda: Onchoproteocephalidea)“

Predložená diplomová práca má rozsah 44 strán a je členená do 7 hlavných kapitol, ktoré sú doplnené tabuľkou, obrázkami a schémami. Autorka sa v nej zaoberá fylogenetickými vzťahmi skupiny proteocefalidných pásomníc Holarktickej zoogeografickej oblasti, ktoré tvoria tzv. *Proteocephalus*-agregát. Zástupcovia tejto skupiny vytvárajú monofyletickú skupinu, avšak ich vzájomné vzťahy sú stále nejasné. Na základe toho považujem tému tejto diplomovej práce za vhodne zvolenú a aktuálnu.

V **Úvode** práce autorka prehľadne charakterizuje triedu Cestoda, rad Onchoproteocephalidea, aj cieľovú skupinu – *Proteocephalus* agregát. Vo väčšej miere sa pochopiteľne venuje fylogenetickým vzťahom, avšak dostatočný priestor je vyčlenený aj morfológickým znakom, biogeografií, životnému cyklu a spektru hostiteľov. Oceňujem stručný, ale výstižný formát tejto časti.

Pripomienky: Na s. 8 je uvedený odhad celkového počtu druhov pásomníc žijúcich na Zemi (6 000 druhov), avšak Caira & Jensen (2017) uvádzajú podstatne vyšší odhad (20 000 druhov). Na s. 9 je najskôr uvedené „order Onchoproteocephalidea“ a na nasledujúcej strane „order Proteocephalidea“. Ak vychádzate z vyššie menovanej práce, očakával by som, že bude uvádzané „former order Proteocephalidea“, alebo inak vysvetlené, že sa pojednáva iba o tejto podskupine radu Onchoproteocephalidea. V časti „*Proteocephalus*- aggregate“ je správne uvedené, že rod *Proteocephalus* je považovaný za parafyletickú skupinu, ale privítal by som stručnú informáciu o zástupcoch rodu mimo *Proteocephalus* agregát (napr. označiť ich topológiu na Obr. 4).

Kapitola **Materiál a metodika** výstižne sumarizuje postup od izolácie DNA až po fylogenetickú analýzu získaných sekvencií dvoch génov vrátane dizajnu primer-ov. Obsahuje prehľadné tabuľky, ktoré uľahčujú získanie užitočných informácií pre budúce fylogenetické analýzy tejto skupiny pásomníc.

Pripomienky: V tejto časti by sa žiadalo spomenúť, či k novo získaným sekvenciám existujú aj zodpovedajúce morfológické preparáty (holo/paragenofory) a v ktorej zbierke sú uložené. V časti „Phylogenetic analyses“ bol pre dataset cox1 použitý jediný evolučný model, ale „command line“ verzia program IQ-tree, umožňuje zadať 3 odlišné modely pre každú pozíciu v kodóne proteín kódujúceho génu (PCG).

Výsledky fylogenetických analýz jednotlivých datasetov (28S, cox1, 28S+cox1, a rozšíreného datasetu rRNA operonu a 12 mitochondriálnych PCG) sú vhodne prezentované v samostatných podkapitolách, v ktorých autorka podrobne rozoberá topológiu jednotlivých druhov. Pre konkatenovaný dataset navyše prehľadne uvádza príslušnosť jednotlivých izolátov ku zoogeografickým oblastiam a hostiteľským taxónom.

Pripomienky: V popise Obrázku 9. je spomenuté označenie absencie apikálnej prísavky, čo však nie je zreteľné na fylogenetických stromoch.

V **Diskusii** sú získané výsledky vhodne konfrontované s doterajšími poznatkami. Oceňujem, že okrem porovnania fylogenetických vzťahoch tejto skupiny bol venovaný priestor aj ko-evolúcii parazit-hostiteľ.

Pripomienky: Oceňujem snahu priradiť monofyletickým skupinám charakteristické morfológické znaky, avšak v prípade *P. filicollis* + *P. macrocephalus* sa rovnaká kombinácia znakov vyskytuje aj u *P. longicollis* a *P. tetrastomus*. Vhodnejšie by bolo spomenúť znaky, ktoré sú pre danú skupinu unikátne.

V zozname **použitej literatúry** je citovaných 55 prevažne recentných prác, čo zodpovedá charakteru témy diplomovej práce.

Pripomienky: V zozname nie je uvedená práca Scholz et al. 2019, na ktorú sa autorka odvoláva v texte.

V súvislosti s riešenou problematikou mám na autorku nasledujúce otázky:

1. Existujú k Vaším novo získaným sekvenciám aj zodpovedajúce morfológické preparáty, t.j. hologenofory alebo paragenofory, a ak áno, v ktorých zbierkach sú uložené?
2. Prečo neboli do analýz génu 28S zahrnuté aj izoláty *P. pollanica* (AJ388599) a *P. exiguus* (AJ388626), ktoré De Chambrier et al. 2004 identifikoval ako *P. longicollis* 1 a *P. longicollis* 2 a ktoré aj Scholz et al. 2007 uviedol ako synonymá *P. longicollis*.
3. Sekvencie operónu rRNA a 12 mitochondriálnych génov boli získané v rámci projektu, ako spomínate, nezávislého k diplomovej práci. Aká bola Vaša úloha pri získavaní/spracovaní týchto molekulárnych dát?
4. Je možné identifikovať unikátne morfológické znaky, prípadne ich unikátnu kombináciu, pre monofyletické skupiny *P. macrocephalus* + *P. filicollis* + *P. pearsi* a *P. gobiorum* + *P. demshini* + *P. sagittus* + *P. midoriensis* + *P. misgurni*?
5. Aký prístup by Ste navrhli pri ďalších fylogenetických analýzach tejto skupiny päsomníc vzhľadom na skutočnosť, že použitie *cox1* a 28S nedostatočne objasnilo evolučné vzťahy v skupine?

Záverčné zhodnotenie:

Diplomová práca prezentuje originálne výsledky, ktoré prispievajú k objasneniu evolučných vzťahov skupiny *Proteocephalus*-agregát a zároveň poskytuje užitočné informácie pre ďalšie fylogenetické štúdium týchto pásomníc. Kladne hodnotím fakt, že bola napísaná v anglickom jazyku a že časť výsledkov bola publikovaná vo vedeckom časopise. K obsahu mám niekoľko pripomienok, ktoré však neznižujú vedeckú hodnotu práce. Diplomovú prácu Bc. Lucie Uhrovej na tému „Molecular phylogeny of Nearctic proteocephalids of the *Proteocephalus*-aggregate (Cestoda: Onchoproteocephalidea)“ preto **o d p o r ú č a m p r i j a ť** k obhajobe.

V Košiciach 14.1.2020

MVDr. Daniel Barčák, PhD.
Parazitologický ústav, SAV, Košice, SR