

Oponentský posudek na diplomovou práci Ondřeje Pomahače

Diverzita a fylogeneze metopidních nálevníků patřících do skupiny IAC

Práce navazuje na řadu předchozích publikací konzultantky a zdárně rozvíjí tento směr výzkumu. Student a tým jeho školitele nashromáždili rozsáhlý materiál z různých částí světa a habitatů, který byl využit k získání originálních výsledků.

Vlastní práce je napsána na 70 stranách a literatura na dalších 7 stranách. Je psána velice čtivě, přehledně, srozumitelně, bez větších chyb a jen s malým množstvím překlepů. Z formálního hlediska za jediné nedostatky považuji absenci přílohy 1 (tabulka nekorigovaných p-distancí sekvencí skupiny IAC) a některých referencí, které chybí buď v samotném textu práce (Foissner 1997, Tucolesco 1962, Kim et al. 2011) nebo v seznamu použité literatury (Kim et al. 2010, Silva-Neto et al. 2016, Rotterová et al. 2017).

V úvodní části jsou výstižně formulovány cíle práce a definovány důvody, proč práce vznikla. V literárním přehledu je charakterizována morfologie, ekologie, taxonomie a dosavadní známa fylogeneze metopidních nálevníků skupiny IAC. Metodika se poměrně podrobně věnuje popisu aplikovaných kultivačních metod, metod pozorování živých a barvených buněk, získávání sekvencí a samotným fylogenetickým analýzám. V metodice mě zaujala část pojednávající o izolaci celkové DNA z jednotlivých buněk. Autor tu zmiňuje použití "Gel/PCR DNA Fragments Extraction Kit" od Qiagenu – opravdu byla k tomuto účelu použita zmiňovaná souprava?

Pozitivně hodnotím široké spektrum metod uplatněných studentem k výzkumu nálevníků v průběhu řešení práce, a to od samotného sběru materiálu, přes náročnou kultivaci buněk, jejich barvení, morfologickou a morfometrickou dokumentaci až po samotné získání sekvenčních dat a jejich zpracování. Za velice kvalitní považuji obrazovou dokumentaci nálevníků. Množství získaných izolátů a jejich podrobná morfologická a molekulární charakterizace jistě v budoucnu vyústí v odpovídající publikace. Nashromážděna fakta o jednotlivých nálezech jsou v diskusi zasazena do kontextu dosavadních znalostí, které tato práce výraznou měrou obohacuje. Velice se mi líbil strážlivý a kritický přístup k hodnocení vlastních výsledků a také již publikovaných dat, vzhledem k vysoce nepřehledné a chaotické situaci v současné taxonomii nálevníků.

Dotazy:

1. Jaký marker nebo markery by dle vašeho názoru byly kromě genu pro 18S rRNA použitelné pro rozlišení fylogenetických vztahů metopidních nálevníků, včetně odlišení druhů?

2. Ve výsledcích u linie A zmiňujete, že se vám "podařilo získat sedm izolátů, které nejspíš představují 3–4 linie na úrovni druhu". Jak byste přibližně definoval procentuální míru sekvenčních rozdílů mezi druhy u zkoumané skupiny nálevníků, tj. maximálně kolik procentní shoda u 18S sekvencí by mohla ještě svědčit pro existenci stejného druhu, s tím že by se také přihlédlo k morfologickým datům?

3. Plánujete v budoucích publikacích ustanovení nových rodů pro dobře podpořené linie A až C a bylo by možné tyto linie definovat i na základě unikátních morfologických znaků?

4. Co se týká typového druhu *Metopus es*, ve vašem stromečku se z publikovaných dat pro tento druh objevuje jenom jedna sekvence (KX776474), přičemž v databázi Genbank je k dispozici ještě dalších 15 sekvencí. Shodují se některé z vašich izolátů s ostatními sekvencemi *M. es* a pokud jsou tato data k dispozici, jaká je morfologická plasticita izolátů uvedeného druhu s dostupnými sekvenčními daty?

5. Jako parazitologa mě zaujaly nálezy nálevníků ve střevech ježovek. Neuvažovali jste v budoucnu o sběru vzorků z různých druhů ježovek nebo jiných zástupců skupiny Echinodermata?

Domnívám se, že posuzovaná práce nejen splňuje, ale v mnohém i přesahuje požadavky kladené na diplomové práce. Proto ji vřele doporučuji k obhajobě.

České Budějovice 24. 8. 2021

RNDr. Pavla Sojková, PhD.