

Posudek k diplomové práci Kateřiny Křížové:

Morfologická a fylogenetická charakterizace tetratríchomonád skupiny A

Kateřina Křížová si v úvodu práce stanovila za cíl ověřit příbuzenské vztahy mezi liniemi tetratríchomonád a dále pak morfologicky odlišit jednotlivé linie, tj. nalézt hranice mezi „morfo-species“ na fylogenetickém stromu a pokud možno přiřadit tato „morfo-species“ k již existujícím popsaným druhům. Protože se jedná o taxonomickou práci, literární přehled je věnován charakteristice organismů, jejich třídění a vztahům počínaje kmenem Parabasalia a zanořujíc se až k modelovému rodu *Tetratríchomonas*. Kapitola dostatečně shrnuje problematiku a nejsem si vědom, že by opomíjela zásadní práce. Metodiky jsou popsány dostatečně, ale mám k nim připomínky, které vynesu níže.

Výsledky jsou shrnuty přehledně a doplněny kvalitními fotografiemi preparátů, které potěší člověka se zálibou v prvocích. Pokud bych měl zhodnotit přínos získaných výsledků, tak se domnívám, že kromě nově objevené linie OVCE nebylo řešení „fylogenetického“ cíle práce příliš přínosné, protože příbuzenské vztahy mezi liniemi zůstaly více méně nerozlišené jako v předchozích analýzách. Morfologická část práce je mnohem zásadnější. Kateřina Křížová zpracovala poměrně rozsáhlý soubor preparátů, objem práce je bezesporu dostatečný pro diplomovou práci, a podle všeho se jí skutečně podařilo vzájemně odlišit většinu fylogenetických linií a naznačit tedy hranice morfologických druhů. Chtěl bych zdůraznit, že to rozhodně není snadné. Díky jednomu z projektů v naší laboratoři začínám toto stále jasněji chápat a prací tohoto typu si proto cením.

Diskuse je poměrně náročné čtení, zejména její druhá polovina, ale to je dáno z velké části samotnou problematikou a nejednoznačnostmi a zmatky ve starších popisech druhů, které se autorka snaží poctivě diskutovat. Domnívám se, že čtenáři by v orientaci pomohl obrázek – fylogenetický strom kmenů s barevně, či jinak odlišenými a pojmenovanými morfo-species. Skvělé by bylo, kdyby čtenáři poskytla k ruce srovnání mezi fotografiemi vlastních kmenů se starými kresbami, kromě jejich popisování v textu. Kapitola o názvoslovných zmatcích kolem *Tetratríchomonas ovis* by mohla být umístěna někde výše, abych si dříve uvědomil rozdíly mezi *Tetratríchomonas ovis* a „*Tetratríchomonas ovis*“.

Celkový dojem z práce je velmi dobrý. Text je psaný srozumitelně s malým množstvím chyb. Je cítit, že Kateřina Křížová pracovala poctivě, stala se zběhlou v literatuře a snažila se své výsledky zasadit do kontextu. Práce bezesporu odpovídá nárokům kladeným na diplomové práce na naší fakultě. Nevyhnula se však některým nedokonalostem, které shrnuji níže, i když je možné, že některé ve skutečnosti pramení z mé nepozornosti nebo nepochopení.

Připomínky:

- V metodice uvádí, že prováděla Bayesovskou analýzu, přitom v obrázcích se výstupy z ní (posteriorní pravděpodobnosti) nikde nevyskytují. Bayesovskou analýzu ovšem v legendách zmiňuje v závorce za „bootstrapem z analýzy ML“. Domnívám se, že v tomto ohledu došlo ke zmatení pojmů. Ví autorka, co to je Bayesovská analýza? Na základě jakého kritéria stanovila burn-in pokaždé na prvních 7500 stromech?
- V obrázku 6 se vyskytuje staré jméno *Trichomitus trypanoides*. Tato trichomonáda se nyní jmenuje *Trichomonoides trypanoides*.
- Na straně 49 autorka hovoří o vysoké podpoře bazální pozice linie LP, ale na obrázku tuto podporu nevidím.
- V legendě obrázku 7 autorka píše, že strom není zakořeněn, přitom je pozice kořene jasně naznačena.
- Není mi jasný vztah mezi izobáty PD22M a PD22D. To první označení se vyskytuje ve stromech, to druhé v morfologické studii. Jedná se o tentýž izolát nebo ne?

Doplňující otázky:

- Proč autorka neprovedla společnou analýzu SSU rRNA a ITS regionu, když obě oblasti samotné neposkytly dostatečnou podporu větvení stromu?
- Kolik bylo popsáno druhů rodu *Tetratrichomonas* a kolik popisů je „použitelných“ pro srovnání?
- Plánujete popsat linie 3 a 8 jako nové druhy nebo tomu ještě něco brání?
- Dokázala byste na základě svých současných zkušeností stanovit pro rod *Tetratrichomonas* nějakou hranici odlišnosti v genu pro SSU rRNA nebo oblasti ITS, která již znamená, že jde o jiné morfospecies? Například: Pokud se izoláty v oblasti ITS liší ve více než 5% nukleotidů, jedná se o samostatné druhy. Pokud ano, lze tuto hranici zobecnit pro celá Parabasalia? Pokud ne, mohla byste pro ilustraci uvést jaké nejbližší (ve smyslu podobnosti sekvencí) morfologicky odlišné druhy jste našla a naopak jaké jste pozorovala největší sekvenční odlišnosti v rámci morfologicky totožného druhu?

Vladimír Hampl