

POSUDEK OPONENTA HABILITAČNÍ PRÁCE

Masarykova univerzita

Uchazeč

Habilitační práce

Oponent

Pracoviště oponenta, instituce

RNDr. Pavel Švec, Ph.D.

Systematika rodu *Enterococcus*

prof. RNDr. Alexandr Nemeč, Ph.D. et Ph.D.

Laboratoř bakteriální genetiky

Centrum epidemiologie a mikrobiologie

Státní zdravotní ústav, Praha

&

Ústav lékařské mikrobiologie

2. lékařská fakulta Univerzity Karlovy, Praha

V předložené habilitační práci Dr. Pavel Švec shrnuje svůj vědecký příspěvek k poznání taxonomické struktury a ekologie rodu *Enterococcus*. Práce má formu přehledové studie, na niž navazují komentáře k publikacím, na kterých se habilitant autorsky podílel. Těchto studií je celkem 18, z nichž polovina je prvoautorská. Deset studií jsou popisné práce spojené (s jednou výjimkou) s nomenklaturními návrhy pro nová druhová jména, čtyři se věnují charakterizaci izolátů ze specifických ekosystémů, tři představují metodické práce zaměřené na druhovou identifikaci a jedna se věnuje klinicky významné infekční kauze. Komentované studie byly publikovány v mezinárodních recenzovaných časopisech v období 1999–2017.

Za vědecky nejvýznamnější lze považovat práce zaměřené na vymezení, popis a nomenklaturu nových taxonů na druhové úrovni. P. Švec se autorsky podílel na publikování 12 jmen, což aktuálně představuje 18 % validně publikovaných druhových jmen rodu bez zahrnutí heterotypických synonym (<https://lpsn.dsmz.de>). Jednotlivé nomenklaturní návrhy jsou z taxonomicko-metodického hlediska kvalitně zpracovány a využívají robustní palety metod umožňujících náležitě vymezení nových taxonů v souladu se současným fylofenetickým pojetím bakteriálního druhu. Jako pozitivní vnímám skutečnost, že většina nomenklaturních návrhů je založena na studii většího počtu kmenů a že tyto návrhy vycházejí z předchozích studií zaměřených na studium druhové diverzity v určitých ekosystémech. Nomenklaturní návrhy tak jsou finálním taxonomickým krokem předchozí systematické práce v širším populačním kontextu a nikoli samoúčelným lovem na nová druhová jména.

Zpracování přehledové části i komentářů je přehledné, z jazykového i terminologického hlediska kvalitní s minimem typografických chyb. Pojetí práce je systematické a primárně deskriptivní, důsledně se drží taxonomické atomizace do diskrétních, jasně oddělených druhových entit. Ze své zkušenosti s jiným bakteriálním rodem musím nicméně uvést, že z biologicko-populačního hlediska nemusí být tento apriorní koncept vždy použitelný. S ohledem na smysl habilitace i směrem k výchově studentů ke kritickému myšlení by nezaškodilo část textu věnovat zamyšlení nad principy a východisky současné bakteriální taxonomie, a to z hledisek epistemologických i ontických. Nejde však o principiální námitku, pouze o mínění oponenta zabývajícího se taxonomickou skupinou, která s rodem *Enterococcus* sdílí řadu aspektů, včetně evolučního stáří, druhové rozmanitosti nebo ubikvity řady druhů.

Celkově považuji habilitační spis Dr. Pavla Švece za kvalitní z obsahové i formální stránky. Cenná a kvalitní taxonomickou práci podmiňující je autorova dlouhodobá systematická péče věnovaná enterokokům; jeho vědecký příspěvek k poznání jejich druhové diverzity je nezpochybnitelný. Práce dle mého soudu naplňuje všechny hlavní atributy náležitě zpracovaného habilitačního spisu.

Dotazy oponenta k obhajobě habilitační práce

1. V textu se objevuje termín „validní“ a to v různých spojeních, např. „validně popsáno 59 druhů“ (str. 1), „byl tento návrh validován“ (str. 4), „druhovými jmény, která nebyla popsána validně“ (str. 6), „validních druhů“ (str. 32) nebo „validní taxonomický popis“ (str. 35). Soudím, že termín „validní“ je vyhrazen spojení „validně publikované jméno“, případně „validní jméno“, a to v souladu se zněním Mezinárodního kodexu nomenklatury bakterií (dále jen Kodex). Vztahuje se výlučně ke jménům ve smyslu jejich publikování podle pravidel Kodexu, nikoliv k biologickým entitám ani jejich popisu. Termíny jako „validní druh“ nebo „validní popis druhu“ jsou v principu nesprávné, byť je zřejmé, co se jimi myslí. Další problematická spojení v textu jsou „synonymní druhy“ nebo „synonymně popsané druhy“ (str. 6). Synonymní mohou být pouze jména nikoliv druhy. „Synonymními druhy“ se zjevně míní jeden druh, který je označen různými jmény (synonymy). Prosím o komentář.

2. Významná část taxonomických závěrů práce vychází též z porovnání sekvencí genů pro 16S rRNA. Obr. 1 pak nese označení „Fylogenetická příbuznost druhů rodu *Enterococcus* získaná analýzou sekvencí genu pro 16S rRNA...“. Lze namítnout, že navzdory nezpochybnitelnému významu tohoto genetického markeru pro posuzování příbuznosti na úrovni rodu a vyšších, je jeho výpovědní hodnota pro posouzení fylogenetických vztahů mezi druhy téhož rodu omezená a výlučné použití tohoto jednogenného markeru může vést k chybným závěrům. Ilustrují to i celkově nízké hodnoty bootstrapové analýzy v obr. 1. Pro robustní a spolehlivé určení fylogenetických vztahů mezi druhy téhož rodu se dnes standardně používá analýza sdílené části genomu (*core genome*). Nebylo možné použít tento postup (namísto porovnání genu pro 16S RNA) jakožto východisko k diskuzi o fylogenetické struktuře rodu?

3. V komentáři ke své první studii autor uvádí, že bylo izolováno 630 bakteriálních kmenů (str. 26). Není zde vhodnější termín „izoláty“? Tomu by tak bylo v případě, pokud se izoláty téhož druhu získané z jednoho vzorku nevyšetřily s ohledem na jejich shodu na kmenové úrovni. V původním článku jsem informaci v tomto smyslu nenalezl.

4. Autor ve většině nomenklaturních návrhů pro nová druhová jména vycházel z analýzy čtyř a více kmenů na taxon. Ve třech případech byl však návrh založen na dvou kmenech a v jednom na kmenu jediném. Kodex sice neobsahuje (a principiálně ani nemůže) požadavek, kolik kmenů má být pro nomenklaturní návrh minimálně zahrnuto, návrh nového jména však podmiňuje popisem příslušného taxonu (pravidlo 27). Popis vlastností obecniny (druh) na základě popisu jediné jednotliviny (kmen) je však z principu nesmyslný a nemůže poskytnout informaci o druhově-specifických/diagnostických vlastnostech. Při absenci obecně přijímaného pojetí bakteriálního druhu (v ontickém významu) je bakteriální druh definován pouze stochasticky, tj. jako shluk vzájemně podobných/příbuzných individuí v mnohorozměrném fylogenetickém prostoru, který je jasně oddělen (ve smyslu kvantifikovatelné podobnosti/příbuznosti) od jiných shluků. Analýza taxonomicky nového jednotlivého organismu tudíž nemůže poskytnout informaci o povaze nového hypotetického shluku ani pozici organismu ve shluku. Jak by autor obhájil nomenklaturní návrh pro jediný kmen?

5. Zatímco pojetí a metodické vymezení (definice) bakteriálního druhu jsou v literatuře rozsáhle diskutovány, kategorie poddruhu (subspecies) je v tomto ohledu na okraji zájmu, byť Kodex tuto úroveň jako hierarchicky nejnižší uvádí. Habilitant má s touto kategorií zkušenost u rodu *Staphylococcus*. Jaká obecná kritéria a postupy se používají při vymezení subspecies?

6. V současné době se v taxonomické komunitě velmi intenzivně diskutuje návrh W. Whitmana na změnu znění Kodexu ve smyslu využití celogenomových sekvencí jako nomenklaturního typového materiálu (Int J Syst Evol Microbiol 2016;66:2108). Tento návrh má řadu příznivců (Environ Microbiol doi:10.1111/1462-2920.14934), a to zvláště z komunity environmentálních mikrobiologů, ale z mnoha důvodů i odpůrců (Diagn Microbiol Infect Dis 2019;95:102). Přijetí tohoto návrhu by mělo zásadní dopad na bakteriální taxonomii a zvláště nomenklaturu (uložení typových kmenů už nebude podmínkou pro validní publikaci druhového jména). Jaký má habilitant názor na tuto otázku?

Závěr

Habilitační práce RNDr. Pavla Švece, Ph.D., "Systematika rodu *Enterococcus*" **splňuje** požadavky standardně kladené na habilitační práce v oboru Mikrobiologie.

Dne 27. 2. 2020

.....
podpis