

# OPONENTSKÝ POSUDOK

## habilitačnej práce

**Autor:** MVDr. Lenka Luptáková, PhD.  
**Názov práce:** DNA barcoding – metóda uľahčujúca identifikáciu organizmov  
**Posudok vypracoval:** prof. RNDr. Radoslav Omelka, PhD.  
Katedra botaniky a genetiky, Fakulta prírodných vied,  
Univerzita Konštantína Filozofa v Nitre  
*Nábřežie mládeže 91, 949 74 Nitra; tel. +421 37 64 08 580; romelka@ukf.sk*

---

Identifikácia živých organizmov na základe ich nukleovej kyseliny predstavuje jednu z výziev súčasnej biológie. Technológia umožňujúca rýchlu a relatívne lacnú identifikáciu druhu takpovediac na užívateľskej úrovni by bola nesporne prínosná v najrôznejších oblastiach výskumu a praxe. Perspektívnou metódou, ktorá má ambície sa stať takýmto identifikačným prostriedkom, je metóda DNA barcoding. Jej potenciálne aplikačné využitie je značne široké s dopadom na taxonómiu organizmov, odhalenie nových biologických druhov, pričom významne môže zasiahnuť aj oblasti ako kontrola obchodu s ohrozenými druhmi organizmov či falšovanie potravín. Vzhľadom na význam uvedenej problematiky považujem tému habilitačnej práce za veľmi aktuálnu.

Cieľom habilitačnej práce bolo využiť metódu DNA barcoding na zistenie druhového zastúpenia vo vyšetrovaných vzorkách použitím rozdielnych úsekov genómu. Habilitantka sa zamerala na identifikáciu významných patogénnych druhov v taxonomických skupinách oomycét, húb a Apicomplexa (kryptosporidie). Ide o druhy či rody, ktorých identifikácia klasickými postupmi je náročná, navyše, porovnanie genetickej variability s referenčnými vzorkami umožňuje získať informácie aj o pôvode daného organizmu. Oceňujem, že autorka prezentuje analýzy vzoriek z rôznych typov prostredia, čo si vyžaduje aj poznatky a skúsenosti ohľadom prípravy materiálu pre molekulárnu analýzu. Habilitačná práca je napísaná na 156 stranách, je štandardne a logicky štruktúrovaná. Základné informácie o danej problematike sú detailne uvedené v druhej kapitole „DNA barcoding“. Následne sa každému z cieľov v práci venuje samostatná časť, pozostávajúca z úvodu, metodiky a výsledkov. Diskusia tvorí samostatnú kapitolu, ktorá zahŕňa podkapitoly, venované každému z cieľov práce. V práci je citovaných 102 literárnych prameňov, pričom polovica je z posledných 10 rokov. Celkovo je práca spracovaná na požadovanej vedeckej úrovni, výsledky sú jasne dokumentované formou tabuľkových výstupov a fylogenetických schém.

K práci mám nasledovné pripomienky a otázky do diskusie:

1. Po formálnej stránke je práca prehľadná, zaznamenal som však množstvo gramatických chýb typu preklepov či nesprávneho skloňovania. Za ďalší formálny nedostatok považujem výraznú duplikáciu informácií. Viaceré informácie, ktoré prezentuje kapitola o DNA barcodingu, sa opakujú v kapitolách pri konkrétnych analyzovaných druhoch a ešte aj v diskusii, čo zbytočne navyšuje rozsah práce.
2. V práci sa na niektorých miestach citujú výsledky, ktoré boli získané „nedávno“, pričom citované práce pochádzajú spreď desiatich či viac rokov.

Domnievam sa, že v oblasti molekulárnej biológie ide už o pomerne dlhé obdobie.

3. Závěry práce sú prezentované veľmi všeobecne a týkajú sa najmä sumarizácie výhod a nevýhod technológie DNA barcoding. Očakával som skôr zhodnotenie príspevku autorky k poznaniu v tejto oblasti, či odporúčania pre ďalší výskum alebo prax. Z uvedeného dôvodu prosím habilitantku o takéto stručné zhodnotenie svojho prínosu v rámci obhajoby.
4. Boli výsledky, prezentované v habilitačnej práci, už publikované v indexovaných vedeckých časopisoch? Pri habilitačných prácach sa predpokladá, že ide o prezentovanie výsledkov za dlhšie výskumné obdobie habilitanta, pričom v práci som nenašiel žiadnu citáciu autorky.
5. Prečo sa na amplifikáciu DNA využila nested PCR? Mali ste problém so získaním dostatočne kvalitnej DNA pre amplifikáciu?
6. Aký je výsledok identifikácie druhov kryptosporídií u psov? Na str. 121 píšete, že sa detegoval druh *C. muris*, podľa informácii na str. 141 je možná aj zámena s *C. andersoni* a na rozlíšenie je potrebné analyzovať iný gén?
7. V súvislosti s predchádzajúcou otázkou ma zaujíma, či by nebolo vhodné štandardne využiť viacero cieľových génov (sekvencií) pre účely DNA barcode, keď už sú dostupné pokročilejšie sekvenačné technológie? Aký je v tomto smere názor habilitantky?

Napriek uvedeným pripomienkam habilitačná práca predstavuje ucelený vedecký spis, prezentujúci originálne výsledky, ktoré majú vysoký potenciál praktického využitia. Práca dokladuje schopnosť habilitantky spracovať zvolený odborný problém s medziodborovým prístupom a závermi. Navyše autorka nové poznatky predkladá vo forme zrozumiteľnej aj pre študentov univerzít, čo dokazuje jej schopnosti sprístupniť aj náročnejšiu problematiku jednoduchšou a zhrňujúcou formou.

Prácu hodnotím pozitívne, **odporúčam ju k obhajobe** a po jej úspešnom obhájení odporúčam Vedeckej rade Fakulty biotechnológie a potravinárstva SPU v Nitre udeliť MVDr. Lenke Luptárovej, PhD. titul „**docent**“ v študijnom odbore 4.2.1 Biológia.

---

prof. RNDr. Radoslav Omelka, PhD.

V Nitre 12. 2. 2018