

Oponentský posudek bakalářské práce Jana Provazníka „Identifikace genů chromosomu Z pro studium evoluce pohlavních chromosomů motýlů“

Bakalářská práce Jana Provazníka je kvalitní literární rešerší shrnující poznatky o pohlavních chromozómech motýlů. Cílem práce bylo zmapovat problematiku evoluce pohlavních chromozómů motýlů a zejména nalézt geny, které by mohly sloužit jako markery jednak na hledání syntenie mezi chromozómem Z vyšších motýlů a autozómy nižších motýlů a jednak na hledání syntenie mezi chromozómem Z vyšších motýlů a některým z autozómů primitivních motýlů. Zkoumání syntenie s pomocí nalezených genů-markerů a jejich orthologů u dalších druhů umožní v budoucnosti stopování původu pohlavních chromozómů motýlů. Student našel celkem 22 kandidátních genů a položil tak dobré základy pro svou další práci, která bude zaměřena na testování hypotézy předpokládající autozomální původ chromozómu W.

Práce je napsána velice srozumitelně a autorovi lze vytknout pouze několik maličkostí. Na místě, kde autor poprvé používá názvy řádů Trichoptera a Lepidoptera postrádám české ekvivalenty. V textu se nachází několik překlepů a řada prací uvedených v seznamu literatury má odlišný formát. V podkapitole „Geny pro Kettin“ je uveden i gen BmOR-4, což jen gen pro chemoreceptory tykadel. Je sice popsán ve zvláštním odstavci, přesto je jeho zařazení do této podkapitoly matoucí.

Tyto detaily ovšem nic nemění na skutečnosti, že práce na čtenáře působí velice dobrým dojmem a díky tomu ji mohu s potěšením ohodnotit jako vynikající.

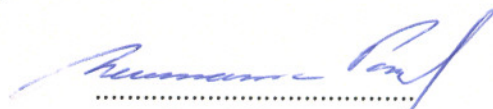
Na autora mám několik dotazů:

Autor uvádí, že zastoupení repetitivních sekvencí na chromozómu W je v porovnání se zbytkem genomu nesrovnatelně větší. Z vyjádření „nesrovnatelně větší“ si ale čtenář může jen těžko představit o kolik vyšší je podíl repetitivních sekvencí na chromozómu W než na ostatních chromozómech. Mohl by autor poskytnout přesnější údaje?

Student cituje práci Sahara et al. (2003), kde se uvádí, že sondy z pouhých 4 BAC klonů byly schopné označit celý chromozóm W. Vysvětlením je pak přítomnost různých transpozónů, které jsou roztroušeny po celém chromosomu W. Znamená to, že se tyto transpozóny nacházejí pouze nebo převážně na chromosomu W? Pokud ano, je známo proč se tyto transpozóny amplifikovaly pouze na tomto chromozómu?

Autor uvádí, že chromozóm Z obsahuje mnoho transkripčně aktivních genů. Lze tedy předpokládat, že počet genů na chromozómu Z je mnohem vyšší než počet genů popsáných v této práci. Bylo by možné výrazně rozšířit seznam genů nacházejících se na tomto chromozómu? Jaké metody a zdroje dat lze využít?

V Český Budějovicích 28.5.2008


Pavel Neumann