

M. Šurganová 2007: Vyhledávání a testování nových genů použitelných pro studium evoluce symbiocy ve skupině Enterobacteriaceae

Oponentský posudek

S narůstajícím počtem kompletně osekvenovaných genomů a exponenciálním růstem počtu známých genů se zvyšuje potřeba nějak racionálně identifikovat vhodné sekvence pro fylogenetické analýzy. Z tohoto hlediska byla bakalářská práce vhodně zadaná; právě mladá generace si musí uvědomit, že doby náhodného, tápavého sekvenování nějakého genu a následného vyvozování fylogenetických závěrů z výsledného produktu jsou pryč.

Čtení této bakalářské práce je věc tak trochu dobrodružná: postupná cesta od 205 vybraných genů přes několik mezistupňů k jediné použité sekvenční genu *purB* u rodu *Arsenophonus* je dramatinována průběžným uváděním procentuální úspěšnosti každého kroku. Jak těžká tato cesta byla, naznačuje hned úvodní údaj (str. 15), že redukovaný „seznam obsahoval 48,6 % genů z původního setu“ (tedy přesně počítáno 99,63 genů).

Fakt, že hledání vhodných genů nebylo příliš úspěšné, činí z této bakalářské práce práci povětšinou teoretického, řešerského charakteru. Takové práce zatím nemáme zažité, přinejmenším oponenti vesměs netuší, co na nich oponovat, nechtějí-li se zaměřit na pouhé odhalování překlepů a obvyklých zločinů v citování literatury (jenom bych upozornil na špatný název studované skupiny hned na deskách diplomky, na zbytečné užívání anglicismu „set“ a na opětovné setkání se slůvkem „viz.“ – dovoluji si upozornit, že to není zkratka čehosi záhadného, nýbrž rozkazovací způsob slovesa „vidět“, tedy „koukni“, kupodivu nikoliv „koukni.“). Obecně je práce slušně napsaná, působí zaslíbeným dojmem, autorka zjevně zvládla práci s databázemi i potřebným softwarem a patrně i základní laboratorní procedury (předpokládejme, že za selhání některých pokusů mohou bakterie a ne autorka).

Poznámky a dotazy:

str. 2 – každá fylogenetická analýza je založena na „odvozování přítomnosti nebo absence znaků“, autorka měla asi na mysli molekulární „makrozznaky“;

str. 3 – pokud se endosymbionti mšic oddělili od volně žijících enterobakterií před 200 miliony let, jsou patrně o něco mladší než mšice – je to důsledek různého datování stejné události, anebo jsou tyto symbionti omezeni pouze na nějakou podskupinu mšic?

str. 4 – jak to přijde, že častější HGT zvyšuje heterogenitu sekvencí genu pro 16S rRNA (a co to má být, ta „heterogenita“)?

str. 6 – co (pakliže vůbec něco) znamená věta „zdá se, že změny AT obsahu u aminokyselin nejsou výhodou“?

str. 6 – představme si, že multigenní analýza nepomůže s LBA (což už se mnohokrát opravdu stalo) – o čem to může svědčit?

str. 8 – odstavec o degeneraci primerů je trochu legrační: autorka nejprve sdělí, že „degenerované primery se dají použít na širokou škálu organismů“ (výhoda), ale posléze zchladí čtenářovo propukající nadšení slovy „naproti tomu vyšší degenerační stupeň primeru snižuje jeho specifitu“ (nevýhoda);

str. 10 – proč byla jako parametr pro výběr vhodných genů zavedena i maximální délka sekvence (2000 bp)?

str. 23 – práce obsahuje jediný obrázek, jde navíc o jediný praktický výsledek – a přece to má špatně udělanou legendu!

str. 26 – není vůbec žádný důvod předpokládat, že dvojice druhů s nejpodobnějšími sekvencemi bude tvořit monofyletickou skupinu, takže celá kapitola 5.3 nemá smysl.

Závěrem mohu konstatovat, že M. Šurganová nejen splnila požadavky na bakalářskou práci rešeršního typu, ale doplnila ji o zasvěcenou počítačovou analýzu i o první náznak budoucí laboratorní práce. Její bakalářskou diplomovou práci doporučuji k obhajobě.

29. května 2007



prof. RNDr. Jan Zrzavý, CSc.