

Jana Smrčková

2008

Ovlivňuje heterogenita ribozomálních genů fylogenetické analýzy sekundárních symbiontů hmyzu?

posudek oponenta

Bakalářská práce J. Smrčkové zpracovává náročné téma, v němž se spojují problémy reálné s problémy metodologickými, aniž by bylo jasné, které jsou které: v principu jde o to, zda jsou nečekané tvary molekulárních stromů způsobeny skutečnou evoluční anomálií (zde např. genovou konverzí) či metodickými artefakty, anebo obojím, a to v nejasném poměru. Otázky tohoto typu jsou obecně těžko k zodpovězení, přinejmenším to vyžaduje velkou zkušenost s užívanou metodologií. V předložené práci mám občas jisté podezření, že autorka podléhá neofilii nebo nátlaku školitele: typicky na str. 16 vysvětluje pomocí „použití nehomologických sekvencí ribozomálních genů“ jevy, které by bylo možno vysvětlit i mnohem konvenčněji. Přinejmenším z toho, co je v bakalářské práci napsáno, neplyne, proč by měl člověk dávat přednost té interpretaci, kterou preferuje autorka, a čtenář neznalý původní literatury těžko pozná, jestli je to neduh celé této větve lidského poznání, anebo zda je práce prostě nesrozumitelně napsaná.

Celkově lze shrnout, že autorka nesporně vykonala velký kus práce, nicméně téma bylo zadáno tak, že s ním asi nešlo jen tak snadno pohnout: asi by bylo rozumnější omezit se **buď** na problematiku paralogních kopií ribozomálních genů v kompletně osekvenovaných genomech a na jejich genetické, ekologické apod. příčiny a důsledky; **anebo** naopak na koevoluční studie hmyzích symbiontů a na možná alternativní vysvětlení topologických anomálií.

Práce je psaná slušnou češtinou (na studentské poměry až překvapivě slušnou), nicméně občas skáče od tématu k tématu, za chvíli se zase vrací, zavádí čtenáře do různých vedlejších uliček, aniž by bylo jasné proč a aniž by tyto odbočky někam vedly. Jako příklad může sloužit třetí a čtvrtý odstavec na str. 3: nejprve se dozvíme, kam patří *E. coli*, potom následuje seznam patogenních a symbiotických γ -3 proteobakterií, načež se vracíme k molekulární genetice *E. coli*, která nemá s nějakými symbionty nic společného, a musíme si pamatovat některé z těch symbiontů, až na ně jednou přijde řeč. O stránku později jsou zmíněny čtyři operony v genomu *Pseudomonas aeruginosa*, která „se vyskytuje v zasolené vodě i v rostlinných a živočišných tkáních“, takže čtenář očekává, že tato ekologická variabilita bude mít s heterogenitou rRNA něco společného, ale nemá, bezprostředně pokračujeme „komparativní studií zabývající se množstvím ribozomálních operonů v bakteriálních liniích“ a *Pseudomonas aeruginosa* je zapomenuta.

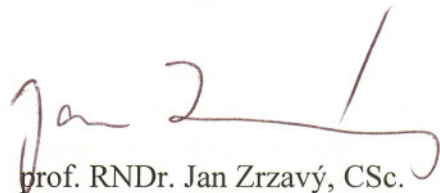
Občas by práci prospělo, kdyby se autorka víc zaměřila na téma. Namátkou na str. 1 „předpoklad, že tzv. sémantoforetické molekuly ... nesou informaci využitelnou pro rekonstrukci fylogeneze“ snad už ani netřeba explicitně zmiňovat (navíc učené slovo „sémantoforetický“ bylo ve vědeckých člancích ve WoS užito dvakrát, naposledy roku 1995, takže pěkně děkujeme za exhumaci); v rozporu s textem na str. 2 není „důležitost symbiogeneze“ v žádném rozporu s „s [d]arwinovským a [h]ennigovským kladením důrazu na bifurkace jako způsob vzniku druhů“ o nic víc než fakt, že kráva žere trávu (i to je symbiotický vztah, a přece oba jeho účastníci vznikli „bifurkacemi“) ... a tak dále a tak podobně.

K formálním problémům práce se netřeba podrobně vyjadřovat. Začlenění všech obrázků do textu s výjimkou obr. 9 odsunutého úplně dozadu, je samozřejmě zločinné, stejně jako zalomení tabulek do textu tak, že jimi prochází hranice dvou stránek. Povšechnou analýzu nápadně heterogenního způsobu, jímž autorka cituje literaturu, jsem ukončil poznámkou “zabít!”, což předávám k dalšímu vyřízení školiteli. Autorce také děkuji za další pěkný překlep do sbírky: “shotgut”, tedy “střelené střevo”.

K práci mám několik připomínek:

1. Na str. 4-5 se autorka zabývá fenoménem concerted evolution. Za prvé se domnívám, že “genové rodiny”, které tomuto procesu podléhají, budou asi jiné “rodiny” než ty, které definuje 50% sekvenční identita (jednotlivé geny takových genových rodin, jako jsou *Hox* nebo *Pax*, zjevně žádným genovým konverzím nepodléhají). Za druhé mám pochybnosti, zda je hlavním motorem concerted evolution opravdu selekční tlak (co molekulární drive?).
2. Seznam artefaktů spojených s analýzami ribozomálních genů (str. 6) nasvědčuje malé osobní zkušenosti s prací s jejich sekvencemi: nikde nejsou zmíněny fatální obtíže s alignmentem, tedy s určením homologických pozic.
3. Chápu a uznávám, že evoluce primárních symbiontů skýtá velké množství příležitostí pro výrazné uplatnění driftu (str. 18), ale právě tak pro výrazné uplatnění selekce. Lze to nějak odlišit?

Práci obecně hodnotím kladně a doporučuji k obhajobě. Autorka to měla poměrně hodně těžké a s úkolem se nakonec slušně vyrovnala.



prof. RNDr. Jan Zrzavý, CSc.

26. května 2008