

**Oponentský posudek na bakalářskou práci: "Distribuce a fylogeneze bakterie rodu *Arsenophonus* u hostitelských skupin Hippoboscidae a Nycteribiidae (Hippoboscoidea, Diptera)" autorky Evy Novákové**

Bakalářská práce Evy Novákové je sepsána na 30 stranách a je klasicky členěná. V této práci je referováno 21 nově získaných sekvencí 16S rRNA genu bakteriálních endosymbiontů z hostitelů čeledí Hippoboscidae a Nycteribiidae. Délka u každé sekvence přesahuje 1 kb, 17 nově získaných sekvencí bylo identifikováno jako 16 S rRNA z bakteriálního rodu *Arsenophonus*, 3 sekvence pak pochází z rodu *Sodalis*, jedna z rodu *Wolbachia*. Získané sekvence byly seřazeny do mnohočetného přiřazení a byla provedena fylogenetická analýza. Diskuse je velmi pěkná, cíle práce byly zcela jistě splněny. Práce svým rozsahem i úrovní překračuje standard požadovaný pro bakalářské práce na BF a dle mého názoru by naplnila i požadavky pro práci magisterskou. Přesto mám několik otázek:

1. Opravdu nejsem specialista na kloše a jejich hostitele, nicméně: v tabulce 1 je jako hostitel *Hippobosca camelina* uveden druh *Apus apus*, tedy rorýs obecný. Vzhledem k tomu, že rod *Hippobosca* je referován jako hmyz sající na savcích, a vezmu-li v úvahu, že anglický název pro *H. camelina* je camel-fly, upřímně pochybuji, že by se tento kloš přeorientoval z velblouda na rorýse, ale rád se poučím.
2. Ve výsledcích je uvedeno, že soubor použitý pro analýzu rodu *Arsenophonus* obsahoval 1162 znaků. To je dosti vysoké číslo uvážím-li, že délka získaných sekvencí se pohybuje mezi 1055 a 1193 nukleotidy. To by totiž znamenalo, že výsledná matice obsahuj poměrně hodně gapů, konkrétně minimálně 107 gapů za předpokladu, že všechny sekvence o délce 1055 nukleotidů tvoří gapy ve stejné části alignmentu. Předpokládám tedy, že se jedná o primární alignment, ze kterého byla ještě část, jako nejednoznačně přiřazené či extrémně variabilní úseky, vyřazena. V práci, bohužel, není zcela zřejmé, z kolika znaků byly konkrétní stromy počítány. V souvislosti s tím pokládám následující otázku: vysvětlíte, jak jste postupovala při analýze pomocí LogDet/paralinear distances, a to krok za krokem. Jaké jsou další možnosti odstranění vlivu LBA ?
3. Žádný z uvedených stromů neobsahuje ani náznak jakékoli analýzy robustnosti fylogenetické analýzy. Nikde nejsou uvedeny výsledky bootstrapové či podobné analýzy a ani není zdůvodněno proč. Můžete to vysvětlit?

4. Autorka uvádí sekvenování genů pro Spa. Jedná se o S-layer surface protein antigen ? Nikde jsem nenašel vysvětlení. Práci chybí seznam zkratk.

5. Popisy některých obrázků (např. obr. č.8, str.25) jsou nedostatečné, což výrazně zhoršuje jejich srozumitelnost.

6. Navrhněte metodický postup pro analýzu počtu paralogů rRNA genů tak, aby pravděpodobnost nalezení VŠECH paralogů byla co největší..

Závěrem mohu jen konstatovat, že předložená bakalářská práce splňuje požadavky BF a mohu ji jen vřele doporučit k obhajobě. Mé hodnocení se pak pohybuje mezi *výborně* a *velmi dobře*, proto ponechávám konečné hodnocení práce až po shlédnutí její obhajoby.

V Českých Budějovicích, 22. 5. 2006



Miroslav Oborník

Katedra molekulární biologie a biochemie  
Biologická fakulta  
Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích