

Oponentský posudek bakalářské práce Jany Novotné „Optimalizace cytogenetických technik na modelovém druhu mšice *Diuraphis noxia* (Aphididae)“

Bakalářská práce Jany Novotné byla zaměřena na optimalizaci cytogenetických technik u mšice zhoubné (*Diuraphis noxia*), která představovala hlavní modelový druh. Vedlejšími modelovými druhy byly tři druhy korovnic (*Adleges laricis*, *A. Tardus* a *Dreifusius prelli*).

Holokinetické chromozómy těchto druhů nemají primární a sekundární konstriktce a tudíž ani zřetelnou morfologii, která by umožnila jednoduché sestavení karyotypu. Hlavním cílem práce proto bylo zoptimalizovat přípravu preparátů mitotických chromozómů, jejich následné barvení a detekci vybraných sekvencí metodou FISH s nadějí, že tyto techniky umožní rozlišení chromozómů a sestavení karyotypu. Ačkoliv výsledky zatím neumožnily sestavení karyotypu u žádného z testovaných druhů, tento hlavní cíl splněn byl a to i přesto, že příprava preparátů byla u korovnic komplikována přítomností voskové vrstvy na vajíčkách. Navíc, použití cytogenetických technik popsanych v této práci s vhodnými sondami nepochybně v budoucnosti umožní určení karyotypu těchto druhů.

V práci jsem postrádal jasnější linii. Úvod a cíle byly „ušité na míru“ spíše mšici zhoubné, ale ve výsledcích a hlavně v závěru se čtenář dozvídá, že tento druh byl v podstatě náhradní za tři druhy korovnic. I když autorka práce uvádí, že techniky zoptimalizované pro mšici zhoubnou mohou být využity také u korovnic, není tato motivace v úvodu a cílech dostatečně zdůrazněná. Nalezl jsem rovněž několik překlepů a typografických chyb, jejich množství bylo ale v rámci rozumné tolerance.

Závěrem mohu s potěšením konstatovat, že práce přes tyto drobné nedostatky splňuje nároky na bakalářské práce a proto ji hodnotím jako výbornou.

Na autorku mám dva dotazy:

Jsou známe nějaké další sekvence, které by byly využitelné jako chromozomální markery, případně jaké postupy umožňující nalezení vhodných markerů připadají v úvahu?

Je možné na základě výsledků *in situ* a Southernovy hybridizace vyvozovat úplnou absenci telomerické sekvence (TTAGG)_n? Obě metody detekce mají omezenou citlivost a i když byla u Southernovy hybridizace velice vhodně zařazena pozitivní i negativní kontrola, stále není zřejmý práh citlivosti metody. Bylo by možné provést experiment tak, aby byl výsledek průkaznější?

V Český Budějovicích 26.5.2008



Pavel Neumann