

Mgr. Lucie Kučerová, Ph.D.
Biologické centrum AV ČR, v.v.i.
Entomologický ústav
Branišovská 31, 370 05 České Budějovice

Oponentský posudek na bakalářskou práci Moniky Štackové

**„Charakteristika mitochondriálního genomu mšice *Drepanosiphum platanoidis*
(Aphididae)“**

Monika Štacková si ve své bakalářské práci vytyčila dva cíle – získat sekvenci mitochondriálního genomu mšice druhu *Drepanosiphum platanoidis* a tuto sekvenci následně porovnat s příbuznými druhy a objasnit fylogenetické vztahy v rámci podřádu Sternorrhyncha. Mšice *Drepanosiphum platanoidis* sice nepatří přímo mezi škůdce kulturních plodin, ale je zajímavá z hlediska objasnění fylogenetických vztahů mezi mšicemi.

Bakalantka pro vypracování své práce musela zvládnout základní molekulární metody (jako izolaci DNA ze vzorků uchovaných v ethanolu, PCR amplifikaci, agarózovou elektroforézu a přípravu sekvenačních reakcí) i bioinformatické dovednosti (část primerů pro PCR si navrhovala sama, pracovala s databázemi, výsledné sekvence zantovala a provedla základní fylogenetickou analýzu).

Práce je sepsána úhledně a čtivě s minimálním množstvím překlepů. Moje největší výtky se týká hlavně seznamu citací a citování. Do jmen cizích autorů se bohužel vloudilo vcelku vysoké množství překlepů např. Tacher místo Teacher (str. 3), Simons místo Simon (str. 12), občas se ztrácelo nebo naopak přebývalo *et al.*, občas se ztratil rok publikování. V textu jsou také citovány tři práce, které pak v seznamu literatury uvedené v plném znění nejsou Thao *et al.* 2004 (str. 5), Tamura *et al.* 2013 (str. 18) a Lowe *et al.* 1997 (str. 23). Na straně 17 a 18 v části Metody, kde autorka popisuje on-line programy (tRNA SCAN, GenomeVx, Mitos, Tandem repeats finds,...) použité pro predikce genů v mtDNA by bylo vhodnější použít citace na původní vědecké práce a ne pouze vypsát webovou adresu, kde je program dostupný. Ne zcela přehledný a běžný je formát citací, který si bakalantka zvolila pro svůj Seznam použitých zdrojů. Například bych doporučila vypustit plné znění webové adresy, ze kterých se dají stáhnout původní vědecké publikace a přesné datum, kdy tak bylo učiněno pro potřeby této práce, obzvláště pokud je v seznamu literatury už zmíněno DOI číslo a ISSN. Jména časopisů, kde byly citované vědecké práce publikované, nejsou bohužel formátovány jednotně, občas jsou uváděny v plném znění, občas ve zkratkách.

Na straně 14 a 17 občas chybí mezera mezi hodnotou a jednotkami času nebo hmotnosti.

Na straně 13 při popisu reakčních směsí pro PCR by bylo vhodnější do bakalářské práce uvádět koncentrace pro jednotlivé složky než jednotky objemu, které se zapisují do pracovního sešitu nebo do protokolu. To samé se týká popisu složení TAE pufru na str. 16.

Bakalantce se podařilo osekvenovat celkem 14 888 bází z mitochondriálního genomu *D. platanoidis*. Část mitogenomu má horší rozlišení a přibližně 300 bází se nepodařilo naamplifikovat vůbec, zřejmě díky vysokému zastoupení A a T nukleotidů, jak je zmíněno v diskuzi. Získaná sekvence byla zantována a porovnána s dalšími devíti známými mitogenomy příbuzných mšic.

K výsledkům a diskuzi mám tyto otázky:

- 1) Na straně 25 autorka uvádí zjištěné délky genů pro malou a velkou podjednotku ribozomů. Jaké jsou běžné délky těchto genů u příbuzných mšic? Liší se od nich zjištěná délka genů u *D. platanoidis*?
- 2) Autorka si pro rekonstrukci fylogenetického stromu vyzkoušela dvě metody: Neighbor-Joining (NJ) a Maximum Likelihood (ML). Obě daly stejnou topologii, výsledný strom z NJ je uveden ve výsledcích a z ML v příloze. Osobně bych dala spíš přednost zařadit je obráceně. Může bakalantka říct něco víc o bootstrapové podpoře těchto stromů, jestli se z tohoto hlediska stromy liší a který je lepší?

Závěrem prohlašuji, že předložená bakalářská práce Moniky Štackové splňuje požadavky kladené na bakalářskou práci a proto ji **doporučuji k obhajobě** a navrhuji známku výborně minus (1-).

V Českých Budějovicích 18.1.2016



Mgr. Lucie Kučerová, Ph.D.