

RNDr. Martina Dalíková, Ph.D.
Přírodovědecká fakulta
Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích
Branišovská 1760
370 05 České Budějovice

Oponentský posudek na bakalářskou práci Hany Velanové

„Charakteristika mitochondriálního genomu paličníka fialového *Necrobia violacea* (Coleoptera: Cleridae)“

Předložená bakalářská práce se, jak již název napovídá, zabývá získáním co nejkompletnější sekvence a analýzou mitochondriálního genomu paličníka. Získaná data pak autorka také použila k určení postavení rodu *N. violacea* v rámci nadčeledi Cleroidea. Práce má jasně definované cíle, je psaná čtivým způsobem a má přiměřený rozsah, i když některé části mohly být obsáhlejší. Co se týče pravopisných chyb a překlepů, v práci se sice najdou, ale není jich přehnaně mnoho. Literatura je citovaná vesměs správně, chyby jdou většinou na vrub překlepům. V seznamu literatury je však nevhodné řazení prací se stejným prvním autorem, ty jsou řazeny chronologicky místo abecedně dle spoluautorů. Navíc citaci databáze www.biblioteka.cz považuji za chybnou.

Úvod má dobrou strukturu a obsahuje relevantní a zajímavé informace. Mám pouze výhradu k prezentaci fylogenetických vztahů v rámci skupiny Cucujiformia. Jelikož vztahy v této skupině jsou nejasné a jednotlivé možnosti jsou popsány pouze slovně, působí tato pasáž poněkud nepřehledně. Osobně bych volila radši znázornění pomocí kladogramů.

Materiál a metody jsou popsány velmi podrobně. Bohužel reakce a složení roztoků je popsáno pomocí pipetovaných objemů a navážek chemikálií. Preferovala bych uvedení finálních koncentrací. Tím by se také autorka možná vyhnula chybě při popisu PCR s GXL polymerasou, kde je reakční pufr dodáváný od výrobce koncentrovaný 5x ne 10x, jak je v práci uvedeno. Nižší koncentraci pufru odpovídá i jeho použitý objem v reakci, jak je uvedeno v tabulce 2 na str. 12. Programy využívané pro zpracovávání sekvencí, anotaci mitogenomu atd. jsou správně ocitovány, proto považuji současné uvádění internetových odkazů za zbytečné.

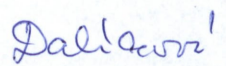
Výsledky jsou dobře zpracovány. Autorce se podařilo osekvenovat téměř celý mitogenom *N. violacea* až na 2 kratší úseky. Při anotaci byly nalezeny všechny očekávané geny, konkrétně 13 protein-kódujících genů, 22 tRNA a obě podjednotky rRNA. Sekvence protein-kódujících genů byla taktéž úspěšně použita k fylogenetické analýze nadčeledi Cleroidea a příbuzných druhů. K výsledkům mám jen 2 připomínky. V tabulce 7 na str. 22 bych u sekvence antikodonu radši volila U místo použitého T, přece jen se jedná o RNA. Dále pak na str. 25 se autorka zmiňuje, že porovnávala obě detekované rRNA se sekvencemi u příbuzných druhů. Výsledky tohoto srovnání však neuvádí, ráda bych se proto zeptala, zda při tomto porovnání objevila něco zajímavého.

V první třetině diskuse se autorka zabývá problematikou amplifikace některých úseků mtDNA, hlavně AT bohatých oblastí, z této části je jasné, že použitým metodám rozumí a pokoušela se je víceméně úspěšně optimalizovat. V dalších částech diskuse pak dává své získané výsledky do kontextu současných poznatků. Tuto část práce považuji za jedinou, která by mohla být případně delší, mám k ní proto několik doplňujících dotazů a připomínek. Na str. 32 je dle mne nevhodně použita citace Doucet-Beaupré et al. (2010), kterou autorka uvádí k tvrzení, že redukce D ramena tRNA je u živočichů běžná. Daná studie se zabývá studiem mitogenomu konkrétního druhu měkkýšů, takže bych na tomto místě použila jinou citaci,

např. „review“ Watanabe et al. (2014), nebo uvedla, že se jedná o příklad dalšího druhu se stejným typem redukované tRNA. Dále autorka uvádí, že chybějící T smyčka u 3 tRNA je anomálie paličníka. Jaký by to mohlo mít vliv na funkci takových tRNA? Opravdu se nějaká forma redukce T ramena nenachází u mitochondriálních tRNA jiných živočichů? Na straně 33 autorka uvádí, že u 5 různých druhů zaznamenala přesun 4 různých tRNA genů. O jaké tRNA se jednalo? Jsou takovéto přestavby v pořadí mitochondriálních genů vzácností? Autorce se podařilo sestavit 3 různé fylogenetické stromy metodami Neighbor-Joining, Maximum Likelihood a Maximum Parsimony. Kdyby si autorka měla vybrat na základě svých dat, který z nich je nejdůvěryhodnější, jaký by si zvolila a proč?

Na základě předložené práce je zřejmé, že Hana Velanová si osvojila řadu laboratorních metod, zvládla zpracování a interpretaci získaných dat a splnila všechny vytyčené cíle. Přes mé drobné připomínky tato bakalářská práce jednoznačně splňuje všechny požadavky kladené na tento typ prací, a proto ji doporučuji k obhajobě.

V Českých Budějovicích, 16. 5. 2018


Martina Dalíková