

Marie se v rámci své bakalářské práce zabývala studiem repetice u tmavoskvrnáče vřesového. Tento druh byl vybrán na základě našich předchozích cytogenetických výsledků, které odhalily jednoduchý systém pohlavních chromosomů WZ/ZZ, přičemž chromosom W je zde výrazně degenerován a díky vysokému obsahu heterochromatinu je i lehce rozpoznatelný. Do naší pilotní studie byl zařazen jako jeden ze dvou druhů, které se podle výsledků cytogenetické komparativní genomové analýzy (CGH) výrazně odlišují obsahem chromosomů W, přestože konstituce pohlavních chromosomů je u nich totožná (WZ/ZZ). Cílem tohoto projektu bylo pokusit se identifikovat typy repetice, které jsou potenciálně obohacené na chromosomu W. Genomická data ze tří samic a tří samců byla zpracována bioinformatickým nástrojem RepeatExplorer, který se používá k vyhledávání repetitivních sekvencí. Využili jsme přitom parametru komparativní analýzy, která porovnává složení repetice mezi několika jedinci, což umožnilo vytipovat sekvence obohacené u samic a tedy potenciálně na chromosomu W.

Marie u nás začala pracovat sice až začátkem třetího ročníku, ale za to velmi intenzivně. Rychle se zorientovala v poměrně náročném tématu (a to i díky samostatnému studiu doporučené literatury), podílela se na navrhování a testování primerů, a nenechala se odradit ani počátečními obtížemi s amplifikací vybraných fragmentů, jejichž vyřešení zabralo týdny práce v laboratoři. Nakonec se jí podařilo z několika *in silico* vybraných sekvencí amplifikovat a zaklonovat část repetice, kterou jsme pojmenovali Ema25. Tento zaklonovaný fragment Marie použila pro výrobu sondy pro FISH a zaměřovala je jak na samičích tak i samčích preparátech. Výsledky bohužel neprokázaly obohacení daného úseku na chromosomu W, za to ale odhalily rovnoměrnou a roztroušenou distribuci signálů na všech chromosomech. Marie si během poměrně krátké doby osvojila běžné molekulárně-genetické metody jako klonování, PCR a FISH a práci s fluorescenčním mikroskopem, seznámila se se základními bioinformatickými nástroji typu Geneious a vyzkoušela si práci s databází NCBI. Její působení u nás v laboratoři jednoznačně hodnotím jako přínosné a jsem ráda, že se rozhodla u nás pokračovat i pro navazující studium.

Celkově jsem s prací Marie Kubínové velmi spokojena a její bakalářskou práci doporučuji k obhajobě.

RNDr. Martina Hejníčková