

Posudek bakalářské práce **Natálie Furikové** s názvem „Porovnání genomických evolučních změn a metabolické kapacity symbiotických bakterií rodu *Legionella* u vší“.

Diplomantka se ve své bakalářské práci zabývala porovnáním degradace genomů několika linií symbiotických bakterií r. *Legionella*. Diplomantka nejprve úspěšně anotovala sekvence 29 genomů symbionta. Poté manuálně ověřila automatickou anotaci, díky čemuž v několika případech objevila chybějící orthogroups. Na závěr rekonstruovala metabolické dráhy, ke kterým anotované geny náležejí, a diskutovala možný dopad na jejich funkčnost.

Studentka odvedla velký kus práce, naučila se pracovat s řadou genomických nástrojů a sepsala práci obsahující velké množství nových poznatků. Mou hlavní výtkou je výsledná podoba textu, který by mohl být napsán čtivější formou a pro lepší přehlednost měly být některé informace prezentovány v textu dříve než v diskuzi, případně formou přehledových tabulek. Například, úvod popisuje evoluci genomu bakteriálních symbiontů v obecné rovině (a poměrně čtivě), ale bylo by vhodné věnovat víc pozornosti i metabolickým drahám, které pak představují značnou část výsledků. Třeba zdali některé dráhy, vyjma těch důležitých pro hostitele, bývají častěji zachované a proč (jsou pod specifickým selekčním tlakem?), nebo čtenáři nabídnout nějakou jinou vnadičku. Je mi jasné, že to není lehké téma pro bakalářského studenta, ale čtenáři absence informací o významu a fungování metabolických drah symbiontů neusnadní porozumění výsledkům práce, a to i přesto, že diskuze pak mnohé zajímavé informace přináší.

V práci také schází uvedení biologického původu zpracovávaných sekvencí symbiontů, zejména z hostitelů mimo N a S linie *P. serrata* (v Tabulce 1 by bylo místa dost). Lze se jen ze zkratk domýšlet o jaké hostitelské druhy mohlo jít a jaký to třeba může mít důsledek z hlediska evoluce bakteriálního symbionta. Někde je informace o hostiteli dostupná až v diskuzi (*P. spinulosa*), jinak je všude v textu jen naprosto anonymní zkratka k127_9727. U jiných linií se to z textu nebo tabulek nedozvíme vůbec (např. N17_Afr_Steno1), jen v diskuzi se uvádí, že jde o fylogeneticky vzdálenější linii, kterou jsem pak našel v převzatém Obr. 8. Alespoň odkázání se na obrázek by usnadnilo orientaci v textu a porozumění výsledkům.

Na druhou stranu, slovní popis některých výsledků je místy až příliš podrobný. Např. vyjmenování všech enzymů nalezených v jedné z metabolických drah, které zabralo 2/3 stránky, určitě nutné není, když je k dispozici obrázek dráhy (byť ukazuje spíš substráty než enzymy). Případně bylo možné vytvořit tabulku.

Jak se často stává, občas se v práci objeví formulační nedostatky, případně citace literatury na nesprávném místě v textu, což je trochu matoucí, ale až na výjimky (třeba u popisu blastování v metodách) to nebrání celkovému porozumění práce. Poměrně netradičně bylo na tabulky s výsledky analýz odkazováno už v metodách a pak (logicky) opět ve výsledcích.

Ačkoliv můj posudek může znít kriticky, myslím, že celkově diplomantka odvedla velmi dobrou práci. Nedostatky, které se objevily, nejsou u bakalářských diplomových prací nijak vzácné a s více zkušenostmi se jim v budoucnu dá vyhnout.

Navrhuji práci hodnotit stupněm 2, ale výsledná známka závisí i na výkonu při prezentaci.

Na závěr mám několik dotazů (v podstatě laických od člověka zabývajícího se spíš ko-evolucí parazit-hostitel obecně a méně symbiotickými vztahy bakterií):

V úvodu píšete že „Postupnou degradací genomu může dojít i ke ztrátě genů nahrazujících metabolické nedostatky hostitele. V takové situaci může dojít ke ztrátě původního symbionta a dojde k získání symbionta jiného, který dokáže nahradit nebo doplnit biosyntetické vlastnosti symbionta původního.“ Můžete zaspokulovat, jak k takovému procesu dochází, jedná se o úplnou ztrátu funkce genů a následné nahrazení (asi ne), nebo spíš o „vykompetování“ novou bakterií s lepší funkcí? Zachytit takový moment v současnosti by asi bylo vzácné, ale existují příklady, kde by část populace hostitele měla odlišné symbionty vykonávající hůře nebo lépe stejnou funkci?

Z metodického hlediska, v práci se uvádí celková velikost genomů a počty anotovaných genů, které jsou mezi symbionty velmi podobné. I tak mě napadá, byly genomy vždy asemblovány kompletně, nebo jsou rozdrobené v mnoha kontizích, případně s nějakou „děravostí“, která by mohla mít vliv na nalezení nebo nenalezení nějaké dráhy?

Z hlediska anotování hypotetických proteinů v diskuzi uvádíte, že anotace často nemusejí být nalezeny, z důvodu velké degradace genů. S tím určitě souhlasím. Otázka je, nakolik velký problém to představuje (globálně pro studium evoluce symbiontů). Pokud jsou geny takto degradované, pravděpodobně bez funkce, nelze je prostě považovat za „již ztracené“?

V Č. Budějovicích 20.05.2022

Jan Štefka
Laboratoř molekulární ekologie a evoluce
Parazitologický ústav, BC AVČR
a
Přírodovědecká fakulta JU v Č. Budějovicích.