



MASARYKOVA UNIVERZITA LÉKAŘSKÁ FAKULTA

Posudek disertační práce „Identifikace organismů pomocí analýzy nukleotidových denzitních vektorů“

Disertantka: Ing. Denisa Maděránková, Ústav biomedicínského inženýrství, Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, Vysoké učení technické v Brně

Doktorský studijní program: Elektrotechnika a komunikační technologie

Obor: Biomedicínská elektronika a biokybernetika

Oponent: doc. PharmDr. Petr Babula, Ph.D., Fyziologický ústav LF MU, Kamenice 5, 625 00 Brno

Předložená disertační práce je zaměřena na využití metody analýzy genomických dat na základě porovnávání nukleotidových denzitních vektorů, a to na rozsáhlém souboru DNA barcodingových sekvencí. Tyto sekvence o velikosti přibližně 650 bp představují dostatečně krátké sekvence DNA, což skýtá celou řadu i praktických výhod, na druhou stranu zde vidím i jednu značnou nevýhodu, a to právě ve výběru vlastních sekvencí. Zatímco pro naprostou většinu živočichů je to sekvence mitochondriálního *coxI* (cytochrom oxidáza oxidáza, podjednotka I), pro rostliny a obecně autotrofní organismy jsou to chloroplastové *rbcL* (RuBisCO, velká podjednotka) a *matK* (maturáza K) chloroplastové geny a pro houby ITS oblast (internal transcribed spacer, mezerník mezi geny pro malou a velkou ribozomální podjednotku v jaderné DNA (rDNA)). Jako další nezanedbatelnou nevýhodou, která je kritizována řadou oponentů, se jeví rovněž možnost popisu řady nových kryptických druhů a zahlcení nomenklatury řadou nových „jmen“ – taxonů na úrovni druhu.

Téma disertační práce je velmi zajímavé, podnětné, vědecky aktuální, a svým způsobem i inovativní, kdy zasahuje do celé řady oblastí, přes bioinformatiku, biologii až po molekulární biologii. Autorka navrhla a realizovala vlastní metodu analýzy dat, a to s ohledem na povahu DNA barcode sekvencí, které byly získány z veřejné databáze BOLD. Ke skutečnosti, že autorka zvolila pro vlastní komparativní analýzu genomických dat jednoduchou a efektivní metodu založenou na zpracování nukleotidových denzitních vektorů, přistupuje rovněž skutečnost, že výsledky analýz byly prakticky využity pro zařazení jednotlivých taxonů na úrovni druhů do vyšších taxonomických jednotek, tj. čeledí a řádů. Na práci oceňuji také kvalitní podrobnou diskusi popisující nepřesnosti ve standardní databázi BOLD, které spočívají v zásadně chybné klasifikaci některých taxonů. Vlastní práce je napsána v českém jazyce, je obvyklého členění i úpravy. Celá práce zahrnuje 159 stran, 84 obrázků, 22 tabulek. Celková úprava práce umožňuje snadnou a rychlou orientaci jak v textu, tak i obrazových přílohách. Autorka odkazuje na celkem 174 literárních pramenů, a to převážně recentních. K vlastní práci si nicméně dovoluji jednu připomínku. Autorka v práci pracuje s celou řadou taxonů na různé taxonomické úrovni (druh, čeleď, řád). Bylo by velmi žádoucí uvádět názvy taxonů s příslušnými autorskými citacemi, např. *Etheostoma proeliare* (Hay, 1881). Jsou to právě autorské citace, které umožňují identifikovat synonyma, stejně jako další jména neplatná (objektivně neplatná jména, jména pochybná, hononyma, atd.).

