



Česká zemědělská univerzita v Praze

**Fakulta agrobiologie,  
potravinových a přírodních zdrojů**

Studijní program: **Zootechnika**

Studijní obor: **obecná zootechnika**

Katedra: **genetiky a šlechtění**

Školitel: **doc. Dr. Ing. Pavel Vejl, vejl@af.czu.cz**

Konzultant: prof. Ing. Iva Langrová, CSc.

Forma: prezenční

---

### **Téma: Studium variability populací parazitických hlístic rodu *Trichuris* s využitím metody AFLP**

#### **Hypotéza:**

Variabilita AFLP markerů je závislá na způsobu reprodukce studovaných biologických druhů. Lze předpokládat, že u partenogenetických druhů bude teoreticky nižší stupeň polymorfismu AFLP markerů. Rovněž inbreeding, ke kterému může ve studované populaci docházet, může snižovat variabilitu AFLP markerů.

#### **Anotace:**

Hlístice rodu *Trichuris* patří mezi významné parazity savců. Z pohledu molekulární genetiky se jedná o skupinu organismů minimálně prozkoumanou. Naprostě většina doposud publikovaných molekulárních analýz je zaměřena pouze na taxonomické studie využívající polymorfismů genů pro rRNA.

Metoda AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) patří mezi techniky DNA fingerprintingu založené na variabilitě palindromových sekvencí a PCR amplifikaci. Metoda byla vyvinuta na počátku 90. let minulého století firmou Keygene. Jedná se o molekulární nástroj vhodný pro studium variability u různých biologických druhů. Výhodou této metody je její aplikovatelnost i u druhů s minimálně prozkoumanou sekvencí genomu. Polymorfismus AFLP markerů je vyhodnocován na základě přítomnosti nebo absence amplifikovaných fragmentů. U živočišných nematod bylo doposud publikováno pouze několik pilotních AFLP studií například následujících druhů: *Dictyocaulus viviparus*, *Ascaris suum*, *Necator americanus* nebo *Ascaridia galli*. U rodu *Trichuris* nebyly doposud publikovány žádné AFLP analýzy. Metodika doktorské práce bude obsahovat následující kroky:

- Izolace genomické DNA z dospělých jedinců
- Identifikace druhů na úrovni sekvenčních polymorfismů genů pro rRNA
- Restrikce genomické DNA pomocí enzymů *EcoRI* a *MseI*
- Ligace adaptorů
- Preselektivní amplifikace pomocí jednoho páru primerů
- Selektivní amplifikace, bude testováno šedesát čtyři kombinací primerových párů
- Zpracování dat pomocí programů *Peak Scanner* a *RawGeno*
- Populačně-genetická analýza pomocí programu *Structure*.

Zdroj financování práce: grantové projekty garantované konzultantem tématu, interní zdroje katedry

V Praze - Suchdole dne 31.1.2019

podpis