

DOKTORSKÝ STUDIJNÍ PROGRAM

NÁVRH TÉMATU/PROPOSAL OF THEME

Studijní program/*Study Program*: **Zootechnika**

Studijní obor/*Branch of Study*: **Obecná zootechnika**

Katedra/*Department of*: **genetiky a šlechtění**

Školitel (včetně titulů), email/*Supervisor*, email: doc. Dr. Ing. Pavel Vejl, vejl@af.czu.cz

Konzultant (včetně titulů)/*Co-supervisor*: prof. Ing. Iva Langrová, CSc.

Forma studia/*Form of Study*: **prezenční**

Typ tématu/*Type of Theme*: **Jednorázové**

Téma/Theme:

Fylogenetická analýza parazitických hlístic rodu *Trichuris* založená na polymorfismech mitochondriálních genů

Hypotéza/Hypothesis:

U kosmopolitně rozšířených parazitů lze předpokládat genetický drift způsobený bariérami omezující migraci hostitelských druhů. Substituční mutace mitochondriálního genomu probíhají ve srovnání s mutacemi jaderného genomu s vyšší frekvencí a mohou tudíž vhodně charakterizovat fylogenetické změny. Citlivost metod založených na skevenčních polymorfismech mitochondriálních genů převyšuje rozlišovací schopnost morfologických a biometrických znaků používaných v taxonomii.

Anotace/Annotation:

Hlístice rodu *Trichuris* patří mezi významné kosmopolitní 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. Existují pilotní sekvenační studie zaměřené na charakteristiku mitochondriálního genomu, ale pouze u některých zástupců rodu *Trichuris*.

Návrh tématu vychází z předpokladu, že rod *Trichuris* je monofyletická skupina, která má obdobně strukturovaný mitochondriální genom. Lze předpokládat sekvenční podobnost mitochondriálních genů (*COX1*, *COX2*, *COX3*, *ND1*, *ND2*, *ND3*, *ND4*, *ND4L*, *ND5*, *ND6*, *CYTB*, *ATP6*, *ATP8*, soubor genů pro různé tRNA). Této skutečnosti bude využito pro navrhování primerových párů pro amplifikaci fragmentů výše uvedených genů u druhů *Trichuris ovis*, *T. discolor*, *T. skrjabini*, *T. myocastor*, *T. muris*, *T. arvicolae* a *T. vulpis*. Studium sekvenčních polymorfismů představuje i dvě metodické výhody. První výhodou je vysoký počet kopií mitochondriálního genu v jedné buňce a teoreticky vyšší stabilita cirkulární formy DNA. Tato skutečnost je velice výhodné při genetických analýzách malého množství biologického materiálu nebo různě starých sbírkových materiálů Katedry zoologie a rybářství. Mitochondriální geny vykazují maternální dědičnost a v cytoplazmě jednoho jedince se tudíž nachází vždy jedna sekvenční varianta mitochondriálních genů. Tento fakt je velice výhodný pro přímé amplifikované sekvenování umožňující přímou detekci haplotypů. Metodika doktorské práce bude obsahovat následující kroky:

- Izolace genomické DNA
- In silico analýzy doposud publikovaných sekvencí mitochondriálních genů rodu *Trichuris*
- Navržení a optimalizace PCR amplifikace, amplikonové sekvenování
- Volba vhodných taxonů použitelných jako outgroupové genotypy pro fylogenetickou analýzu
- Porovnání sekvencí a fylogenetické analýzy (programy MAFFT, jModelTest, PhyML 3.0).

Zdroj financování/Source of: grantové projekty garantované konzultantem tématu, interní zdroje katedry

Datum/*Date:* 30.1.2020

Podpis/*Signature:*