

Abstrakt

V předložené práci jsou představeny články, jejichž spojujícím tématem jsou tzv. lingvistické přístupy v genomice, které umožňují genetické sekvence zkoumat jako „text“ obsahující potenciální „slova“ (oligonukleotidy, oligopeptidy) délky n . Tento přístup stojí na pomezí kvantitativní a kvalitativní analýzy a, na rozdíl od standardních komparativních metod užívaných v bioinformatice, umožňuje porovnání i fylogeneticky vzdálených jedinců. Stěžejním článkem práce (Zemková et al., 2016.) je analýza peptidických slovníků parazitů a volně žijících organismů, která odhalila signifikantní rozdíly v diverzitě peptidů o délkách 4-6 aminokyselin u těchto porovnávaných skupin. Parazitě obecně vykazují redukci pentapeptidů, která je částečně kompenzována zvýšenou diverzitou hexapeptidů. Tento výsledek je v souladu s námi postulovanou hypotézou, že parazité se snaží uniknout před imunitním systémem obratlovčího hostitele založeného na MHC imunitním rozpoznávání. Výsledek rovněž ukazuje, že klíčovou oblastí pro rozpoznání antigenu jsou peptidy o délce 4-5 aminokyselin a do reakce s T-receptorem tedy nevstupuje celý peptidový řetězec vázaný na MHC.

V dalších dvou článcích, které vzešly jako produkt spolupráce s Prof. E.N. Trifonovem z university v Haifě, je opět užita analýza slovníku. V prvním článku (Zemková et al., 2014) jde o detekci potenciálně amfipatických struktur, jejichž distribuce v proteomu vykazuje obecné zákonitosti, ale je pravděpodobně druhově specifická, takže by jí mělo být použito jako tzv. „*proteomic signature*“ (Petrokovski et al. 1990). Preference amfipatických peptidů a princip jejich formace je v článku dále analogizován se vznikem slov lidského jazyka, kde alternují (díky přirozeným omezením vyslovitelnosti určitých kombinací hlásek) souhlásky a samohlásky. Druhý článek (Zahradník et al., 2015) se zabývá potenciální možností rekonstrukce ancestrálních sekvencí DNA ze současného genomu. Je navržen algoritmus hledání tzv. generátorů (*generator sequence*) od kterých se odvíjela evoluce genomu. Poslední předložený článek (Trifonov and Zemková, 2015) analogizuje vznik DNA z jednoduchých repetitivních sekvencí invazivního charakteru (Frenkel and Trifonov 2012; Trifonov and Bettecken 1997) a vznik lidské řeči z repetitivních holofrází tzv. kanonického žvatlání (*canonical babbling*). Extenzí této metafory vzniku života a vzniku jazyka/řeči je rovněž paralela v historii vědy: Obdobně jako došlo v přírodních vědách ke generalizaci genotypu jakožto jediné invariantní roviny vhodné pro výklad uspořádání živých bytostí (Např. (Monod 1971), byla i v lingvistice řeč jako individuální autonomní projev nahrazena abstraktním systémem jazyka, jehož schopnost je dána vnitřním inherentním schématem (Chomsky 1986).

