

Posudek oponenta

Autor práce: Michaela Němcová

Název práce: Molekulárně biologická charakteristika zástupců rodu Badnavirus, čeleď Caulimoviridae

Typ práce: bakalářská

Kritérium hodnocení		Hodnocení						
		A	B	C	D	E	F	nelze hodnotit
1	rozsah práce, vyváženost rozsahů jednotlivých částí a jejich strukturovanost	x						
2	kvalita literární rešerše (např. množství použitých původních pramenných zdrojů, vhodnost výběru)			x				
3	naplnění cílů podle zadání práce a poznatků z literární rešerše		x					
4	správnost a úplnost legend u obrázků a tabulek (např. srozumitelnost bez zřetele k ostatnímu textu, vysvětlení značek, jednotky uváděných veličin)			x				
5	správnost používání citačních odkazů (např. přítomnost necitovaných údajů, dodržování jednotného stylu citací)		x					
6	výstižnost souhrnu práce v českém a anglickém jazyce		x					
7	grafická úprava textu a obrázků		x					
8	jazyková a stylistická úroveň, respektování platné nomenklatury a terminologie					x		
9	volba vhodných experimentálních metod	x						
10	srozumitelnost a výstižnost popisu používaných metod		x					
11	úroveň zpracování experimentálních dat		x					
12	adekvátnost interpretace dílčích experimentálních dat		x					
13	diskuze (souhrn získaných výsledků a jejich začlenění do kontextu dosavadního výzkumu)		x					

Poznámka 1: Pokud charakter práce nedovoluje použít některé z Kriterií hodnocení, použijte sloupec "nelze hodnotit"

Poznámka 2: Hodnocení křížkujte

Poznámka 3: Do výsledné známky se započítávají jen hodnotitelné položky

*- vyberte „bakalářská“ nebo „diplomová“

Známka (A-F)	C
------------------------	----------

Michaela Němcová vypracovala bakalářskou práci zaměřenou na využití NGS technik pro objevování nových virů rostlin a v praktické části prezentuje nález a částečný popis nového zástupce rodu *Badnavirus*. Výsledky jsou prezentovány přehledně a jasně. Nicméně zejména v kapitole Teoretický úvod se nachází řada nepřesností a anglikanismů, které snižují kvalitu textu, i když ji podstránce obsahové považují za dobrou.

Dovolím si však některé z nich uvést a položit několik dotazů:

- Termín 'Sanger' sekvenování se v češtině nepoužívá (Sangerovo sekvenování, sekvenování dle Sangera, Sangerova metoda sekvenování). Termínem interakce viru s rostlinou obvykle vyjadřujeme interakce probíhající na molekulární a buněčné úrovni a ne okruh hostitelů atd. (strana 1). Zjištění její **sekvence sekvenačními** metodami (strana 1). Fylogenetická analýza **případně** získaných sekvencí přináší informace o příbuznosti viru s dalšími zástupci konkrétního rodu, případně čeledi (strana 1). Diskontinuity nacházející se v genomu jsou **uceleny** a **dochází k formaci** super-svinuté DNA, která se **sdužuje** s histonovými proteiny a tvoří v jádře tzv. minichromozómy (strana 3). V případě red clover bacilliform virus (RCBV), což je zatím jediný detekovaný zástupce badnavirů parazitující na **krmných plodinách (v češtině se toto spojení nepoužívá)**, byl úspěšně proveden experimentální přenos pomocí **inokulace (mechanické inokulace)** na *Nicotiana occidentalis* (Fránová a Jakešová, 2012)(strana 5). Dají se čtecí rámce **pozorovat**? Pro **zavedení viru** jako nového samostatného druhu existují jistá kritéria (strana 7). **Výtěžek** x výnos (strana 9). **Tkáně** x pletiva u rostlin. Pro detekci byla použita dvě antiséra **navržená** speciálně proti badnavirům infikující yam. Hybridní rostlina ***N. occidentalis* a *N. glutinosa*** (strana 18), *N. occidentalis* x *glutinosa* (strana 17). Piper yellow mottle virus (PYMoV) napadající rostliny černého pepře u těchto rostlin **podněcuje** vznik chlorotických lézí.
- V textu uvádíte, že chromozómy jsou transkribovány hostitelskou DNA-dependentní RNA polymerázou za vzniku transkriptu (35S nebo 34S RNA), který je, v závislosti na druhu, delší než samotný genom asi o 35–270 nt. **Můžete vysvětlit, díky jakému mechanismu dochází k transkriptu většímu, než je samotný genom?**
- Produkty kódované virovou DNA společné pro všechny druhy v rámci čeledi Caulimoviridae jsou pohybový protein, obalový protein, víceúčelový protein asociovaný s viriony, asparagová proteáza a reverzní transkriptáza s asociovanou RNázovou H1 aktivitou. Syntéza obou vláken DNA je zajištěna virovou reverzní transkriptázou a RNázou H1 (ICTV, 2018) (strana 3). **Jedná se o dva proteiny nebo jeden protein s RT a RNase H aktivitou?**
- Názvy rostlin je nutné uvádět přesně. Většina druhů napadá hospodářsky důležité plodiny, mezi které patří **banány, černý pepř, citrusy, kakao, cukrová třtina, taro a sladké brambory** (Bhat *et al.*, 2016). Pepřovník černý (*Piper nigrum*), kolokázie jedlá (*Colocasia esculenta*), povijnice jedlá (*Ipomoea batatas*) atd.
- **Je možné, že referenční druh *Commelina yellow mottle virus* (ComYMV) měl ORF I dlouhý 602 bp (strana 6)?**
- Výsledkem transkripce u rostlinných pararetrovirů je produkt, který obsahuje vysoce strukturovanou oblast o velikosti asi 600 nukleotidů. Tato oblast obsahuje množství krátkých ORFs, což jí dává potenciál k vytvoření vlásečkových struktur, které nemohou být podrobeny translaci. **Může autorka vysvětlit jak je to s ORFs (600 bp = množství ORFs)?**
- **Strana 8. Jsou kDa jednotkou molární hmotnosti?**
- *Pseudococcus elisae* a *Dysmicoccus brevipes*, *Manilkara zapota*, *Annona muricata*, *Ananas comosus* (*Dysmicoccus brevipes*) a *Nephelium lappaceum*. **Jedná se o červce, vlnatky nebo obojí? Proč nemůžeme zaměňovat názvy vlnatka a červec?**

- **Strana 25 Produkt o velikosti cca 400 bp (očekávaná velikost produktu 395 bp), podle obrázku Bp?**
- **Jak byste dokázala, že homologní (částečně homologní) sekvence detekované v rostlině jsou endogenní formou pararetroviru nebo jeho pozůstatek?** Na straně 33 (Diskuse) se jedná o spekulaci nebo existují důkazy?
- **Popis obrázků není úplný. Co chybí?**
- **Prosím upřesnit citaci:** Adams A. N., Posnette A. F. (1987): Molecular analyses of the complete genomic sequences of four isolates of *Gooseberry vein binding associated virus*. In: Converse R. H. (ed): Virus diseases of small fruits, pp. 129-130, U. S. Dept. Of Agriculture, Agricultural Research Service, Washington, D. C. In: Xu D., Mock R., Kinard G., Li R. (2011): Virus genes 43: 130–137.

Závěr: práci doporučuji k obhajobě

V Olomouci dne: 1.7.2020

Podpis: (jméno)