

Posudek oponenta na diplomovou práci

Autor práce: Šimon Pavlů

Název práce: Studium nadrodiny ALDH v dostupných rostlinných genomech a tvorba webového rozhraní

Oponent práce: prof. Mgr. Marek Šebela, Dr.

Poř. číslo	Kritérium hodnocení	Body (0-5)
1	Ucelenost a aktuálnost řešeršní části práce	5
2	Kvalita úvodní části práce (množství použitých původních pramenných zdrojů, vhodnost výběru)	5
3	Naplnění cílů práce	5
4	Logika postupu při vlastní řešeršní nebo experimentální práci	5
5	Úplnost popisu používaných metodik a postupů	3
6	Úroveň zpracování výsledků (vhodné používání grafů a tabulek atd.)	5
7	Adekvátnost interpretace získaných výsledků a jejich diskuse	4
8	Výstižnost souhrnů práce v českém a anglickém jazyce	5
9	Grafická úprava textu a obrázků	4
10	Jazyková a stylistická úroveň, respektování platného názvosloví	3
11	Správnost a úplnost legend u obrázků a tabulek (srozumitelnost bez zřetele k ostatnímu textu, vysvětlení značek, jednotky uváděných veličin)	4
12	Správnost používání citačních odkazů (přítomnost necitovaných údajů, dodržování jednotného stylu citací, používání oficiálních zkratk časopisů)	3
Celkem bodů		51

max
60

Konkrétní připomínky a dotazy (možno připojit samostatný list)

Diplomová práce se zabývá problematikou bioinformatického zpracování sekvencí aldehyddehydrogenas z vyšších a nižších rostlin zahrnujících mj. kapradiny, mechy a řasy. Autor shromáždil dostupné sekvence vyhledané z genomů s použitím programu BLAST. Sestavil jejich databázi a provedl fylogenetickou analýzu s přihlédnutím k nomenklatuře ALDH a jejich členění do rodin a podrodin. Ustaveny při tom byly některé nové podrodiny (ALDH2F, ALDH3L, ALDH3M, ALDH5H a ALDH6C). Byl také vytvořen program PAFF, který umožňuje po zadání sekvence určit její zařazení v systému nomenklatury.

Práce má standardní členění, v úrovni zpracování mohou vytknout nadměrné používání anglicismů (např. pojmy jako upregulace, alignment), použití anglických slov v českém textu bez uvozovek, překlepy, gramatické chyby (např. na str. 71 v první větě), chyby v názvosloví (antiquitin – správně antikvitin, podobně jako ubikvitin; α -aminoadipových semialdehydů – správně semialdehydů α -aminoadipátu; 2-acetyl-D1-pyrolin – správně 2-acetyl- Δ^1 -pyrrolin; *Danio rerio* je česky dánío pruhované či zebříčka, nikoli jen ryba, aj.). U některých obrázků fylogenetických stromů je nízká kvalita, např. obr. 34. V teoretické části je zpracována řešerše literatury o rodinách ALDH, jejich známé biologické funkci, zástupcích a typických substrátech. V materiálové a metodické části je popsán původ analyzovaných sekvencí a dále jsou poměrně detailně popisovány bioinformatické nástroje, např. jak fungují programy BLAST nebo MUSCLE, též programovací jazyky a software pro přípravu webových stránek pracujících s databázemi. Myslím si jako oponent, že tyto popisné části měly být součástí teorie. Zde mělo být blíže vysvětleno jaké sekvence byly používány pro dotazování v programu BLAST při vyhledávání genových sekvencí ALDH v genomech, jak je konstruován program PAFF – tedy např. algoritmus – neuvádět toto až stručně ve výsledcích, nebo jakým způsobem

program PAFF vyznačuje aminokyseliny předpokládaných aktivních míst. Čtenář se také nedozví, proč byl pro konstrukci mnohočetných přiřazení volen program MUSCLE, a ne třeba MEGA X, kde je následně možné dělat i fylogenetickou analýzu mnoha způsoby apod. K výsledkové části nemám obsahové připomínky. Diskuse převážně komentuje výsledky fylogenetické analýzy, pouze jediný odstavec je věnován programu PAFF.

Konkrétní dotazy a připomínky:

V seznamu zkratk chybě vyjádřen význam zkratky GABA

Str. 3 - jak funguje acetyl-CoA-synthasa (EC 6.2.1.1) ve vámi uváděné „pyruvátdehydrogenasové“ dráze? Nejedná se naopak o enzym, jehož reakce je nezávislá na pyruvátdehydrogenase? Opravdu tvoří koenzym A?

Str. 4, chybná formulace „... se pak podílí na oxidaci středně dlouhých a dlouhých řetězců alifatických i aromatických aldehydů“; oxiduje se aldehydová skupina, ne uhlíkové řetězce!

Str. 10 – jaká je reakce glutamylfosfátreduktasy (EC 1.2.4.1)? Opravdu tvoří semialdehyd glutamátu a v reakci figuruje glutamát? Reakce ALDH18 na obr. 7 není uvedena správně – nekonzistentní je stav karboxylových skupin substrát – produkt, pyrrolinkarboxylát je chybně označen – podobná chyba je i v obr. 10 na str. 14. Odkud je převzat obrázek 7? Schéma nezahrnuje glutamátkinasovou aktivitu enzymu, tedy první fázi reakce, následnou redukci glutamylfosfátu a cyklizaci glutamátsemialdehydu na pyrrolinkarboxylát.

Str. 17 – formulace „... enzymy pravděpodobně využívané pro katalýzu ...“. Co je tím myšleno? Podle definice jsou všechny enzymy katalyzátory.

Str. 23, není uvedeno, že program BLASTX nejprve překládá vloženou nukleotidovou sekvenci do sekvence aminokyselinové

Str. 29 - co je to tranzitní a transverzní substituce purinu? Není blíže vysvětleno.

Str. 39 - jak funguje výpočet isoelektrického bodu metodou bisekce? Není blíže vysvětleno.

Str. 63 – obr. 32, jaká je sekvenční identita a podobnost mezi AfALDH3H3 a ScuALDH3K1? Přijdou mi velmi příbuzné a jsou ve stejném klastru.

Chyby, které je nutno opravit

Str. 26, obr. 15, je třeba citovat zdroj.

Str. 27, obr. 16 je převzatý z Wikipedie, je třeba citovat původní zdroj;

Str. 35, obr. 23 je zřejmě převzatý, jelikož obdobné nacházím na internetových stránkách nebo veřejně dostupných prezentacích, je třeba citovat původní zdroj;

Závěr: práci doporučuji k obhajobě.

V Olomouci dne 4. 6. 2021

Podpis

- A- 56-60
- B- 51-55**
- C- 46-50
- D- 41-45
- E- 36 -40
- F- 35 a méně