

Posudek oponenta

na bakalářskou práci

Studijní program: Chemie
Studijní obor: Aplikovaná chemie
Student: Viktor Chromý
Název práce: Bioinformatická studie konformací páteře RNA molekul
Vedoucí práce a jeho pracoviště: Mgr. Petra Kührová, Ph.D., Katedra Fyzikální chemie
Oponent práce: Mgr. Petr Stadlbauer, Ph.D.

Relevance teoretické části (zaměření k tématu, kvalita citací): C

Formální stránka (např. reference, jazyk, překlepy): C

Grafická úroveň (vlastní obrázky, grafická prezentace závislostí, tabulky): B

Vyhodnocení a interpretace výsledků (statistické zpracování, kvalita diskuze): B

Samostatnost a iniciativa (jen vedoucí): ----

(používejte stupnici: A - výborně, B – velmi dobře, C - dobře, D - uspokojivě, E - vyhovující, F - nevyhovující)

Připomínky a komentáře k práci:

Práce Viktora Chromého (dále „student“) analyzuje konformační stavy páteře RNA. Student pro svoji práci využil sadu neredundantních struktur RNA, z ní vygeneroval zastoupení jednotlivých rodin páteřních úhlů a následně sledoval, jaká je v jednotlivých rodinách variabilita torzních úhlů.

Délka práce je průměrná, počet a relevance citací adekvátní. Obsahuje ale poměrně velké množství překlepů a gramatických chyb. Po metodologické stránce je práce provedená správně. Mám však výhrady k teoretické i výsledkové části, viz níže. Student nicméně splnil svůj cíl, a proto doporučuji práci k obhajobě.

- V teoretické části v kapitole 1.2 student charakterizuje funkční typy RNA, konkrétně tRNA, mRNA a rRNA. Hned v kapitole 2 ale uvádí, že existují i další typy RNA. Proč nejsou alespoň stručně charakterizovány v kapitole 1.2, kde si ve světle současných znalostí své místo určitě zaslouží?
- Kapitola 1.2.3 o rRNA je uspořádaná chaoticky. Je smíchána charakterizace eukaryotního a bakteriálního ribosomu.
- Kapitola 4.1 popisuje rentgenovou analýzu. Popsaná metoda je ale zcela mimo mísu, zde měla nejspíše být uvedena rentgenostrukturní analýza. Navíc kapitola 4 není moc

dobře navázána ke zbytku práce. Není uvedeno, jakým konkrétním způsobem, alespoň stručně, pomáhá RTG a NMR při charakterizaci struktury RNA. Mohl by to prosím student objasnit, včetně toho, jak funguje rentgenostrukturní analýza?

- Rovněž v teoretické části postrádám úvod do molekulové mechaniky a dynamiky, a to vzhledem k tomu, že ve výsledkové části je velká část diskuze věnována chování RNA molekul v MD simulacích.
- Na začátku kapitoly 6 s výsledky je ve druhém odstavci uvedeno, které strukturní rodiny se vyskytují ve kterých motivech. Tato část podle mě mohla být uvedena spíše v teoretickém úvodu, protože se jedná o prezentaci dat z práce Richardson et al. (2008). Ve stejném odstavci jsou rovněž uvedeny konkrétní strukturní motivy, ale chybí tu kontext. Když už v práci není odstavec o motivech RNA, tak bych alespoň zde rád viděl nějakou zmínku o tom, co jsou dané strukturní motivy zač. Mohl by prosím student alespoň stručně popsat, co je například GNRA smyčka?
- Kapitola s výsledky mi přijde nepřiměřeně prodloužená obrázky s histogramy, které dle mého mohly být uvedeny v příloze nebo zmenšeny tak, aby nebyl jeden úhel rozdělen na dvě strany a mohly být uvedeny dva úhly vedle sebe.
- 2D histogramy měly být uvedeny až po jejich zmínění v textu. Rovněž tyto mohly být zmenšeny tak, aby nebyla jedna dvojice úhlů rozdělena na dvě strany. Chybí označení barevné škály. Účel 2D histogramů není v textu jasně zmíněn, zcela chybí odkaz na obrázky 21 a 23, které se tak jeví zbytečné.
- Na straně 47 je věta „Tato rodina je velmi hojně zastoupena, což je poznat i na menší rozdrobenosti dat a nízkém počtu odlehlých hodnot.“ Mohl by prosím student objasnit, jak spolu souvisí počet odlehlých hodnot a hojné zastoupení rodiny?

Práci doporučuji k obhajobě.

Návrh hodnocení: C

V Olomouci, dne

podpis oponenta