

## Posudek vedoucího na diplomovou práci

**Autor práce: Bc. Šimon Pavlů**

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

**Vedoucí práce: Mgr. David Kopečný Ph.D.**

**Konzultant: Mgr. Martin Raus, Ph.D.**

Poř. číslo	Kritérium hodnocení	Body (0-5)
1	Samostatnost v plánování a provádění experimentů	4
2	Spolehlivost, pečlivost a systematickosti při práci v laboratoři	5
3	Pracovní nasazení (čas věnovaný přípravě, provedení a vyhodnocení experimentů)	5
4	Úroveň zájmu o řešenou problematiku (entuziasmus, vlastní nápady a iniciativa, schopnost diskuse tématu)	5
5	Schopnost vyhodnotit a interpretovat experimentální výsledky a vyvodit z nich závěry	4
6	Samostatnost při sepisování práce	4
7	Práce s literaturou (výběr zdrojů, aktuálnost, relevantnost zdrojů)	5
8	Úroveň grafické prezentace získaných výsledků	5
9	Formální úprava, odborná, jazyková a stylistická úroveň textu	5
<b>Celkem bodů</b>		<b>42</b>

Max  
45

### Komentář k práci, připomínky a dotazy

Diplomová práce Bc. Šimona Pavlů se věnovala analýze nadrodiny *ALDH* s použitím genomů rostlin sekvencí anotovaných ve veřejných databázích GenBank, Phytozome nebo PlantGDB a navazovala na bakalářskou práci. Cílem bylo postihnout vývojové větve rostlin a identifikovat *ALDH* geny a rozřadit je do rodin a podrodin (dle zavedené nomenklatury Brocker et al. 2013) a vytvořit tak databázi, která bude sloužit jako jádro webového rozhraní. Toto webové rozhraní PAFF (**P**lant **A**LDH **F**amily **F**inder) má za úkol po vložení neznámé sekvence *ALDH* z rostliny ji správně zařadit, případně označit, že jde o novou rodinu, podrodinu nebo případně, že se nejedná o *ALDH* sekvenci. Tvorba webového rozhraní byla provedena pod vedením konzultanta Mgr. Martina Rause Ph.D. Jelikož se část *ALDH* genů vyskytuje pouze u savců, student přidal do databáze i klasifikaci lidských, ptáčích a rybích *ALDH* genů a tím pádem je aplikace schopna uživateli sdělit, že jeho sekvence není z rostliny, ale může jít o živočišnou *ALDH*. Rozřazení do konkrétních podrodin je podpořeno konkrétními fylogenetickými analýzami jednotlivých rodin. Student splnil cíle práce, data zpracovával pečlivě, vyznamenal bych menší pracovní nasazení. Výsledkem je velmi užitečná aplikace, kterou zcela jistě mohou využít kolegové v oboru.

**Závěr: práci doporučuji /~~nedoporučuji~~ k obhajobě.**

V Olomouci dne: 13.5.2021

Podpis: Mgr. David Kopečný Ph.D.

Hodnocení  
A – 41-45  
B – 36-40  
C – 31-35  
D – 26-30  
E – 20-25  
F – 20 a méně

