



POSUDEK ŠKOLITELE NA BAKALÁŘSKOU/DIPLOMOVOU* PRÁCI

Autor práce: Rudolf Bidner
Studijní obor: Chemie a matematika pro vzdělávání
Katedra/Ústav: Ústav chemie PŘF JU
Název práce: Strukturní studie serpinu IRS-1 z *Ixodes ricinus*
Školitel práce: Mgr. Taťána Prudnikova, Ph.D.
Pracoviště školitele: Ústav chemie PŘF JU

	Bodový rozsah hodnocení ¹	Body
(1) FORMÁLNÍ POŽADAVKY		
Formální a grafická úprava práce	0-3	3
Práce s literárními zdroji	0-3	3
Jazyková a stylistická úroveň	0-3	3
Formální požadavky – body celkem		9
(2) VĚCNÉ POŽADAVKY		
splnění cílů práce	0-3	3
schopnost porozumění výsledkům, jejich interpretace a srozumitelnost výsledků, diskuze a závěrů	0-3	2
úroveň diskuse – interpretace výsledků, zařazení do kontextu v literatuře	0-3	3
experimentální náročnost práce, samostatnost při práci	0-3	3
přínos práce pro obor a publikovatelnost výsledků (po případném doplnění)	0-3	3
Věcné požadavky u experimentálních prací – body celkem		
CELKEM BODŮ (MAX/ZÍSKANÝCH)	24	23²

* Nehodící se škrtněte

¹ Bodový rozsah hodnocení: 0-nevyhovující, 1-vyhovuje, 2-průměrné, 3-excelentní. U teoretických prací hodnotěte jenom (1) Formální a (2) Věcné požadavky, u experimentálních prací i (3) Věcné požadavky experimentálních prací.

² Zadejte součet přidělených bodů.

Komentář školitele:

Strukturní biologie je vědní disciplína na rozhraní molekulární biologie, biochemie a biofyziky. Zabývá se molekulární strukturou biologických makromolekul, především proteinů a nukleových kyselin, které jsou nezbytnými komponentami všech živých organismů. Strukturní biologie umožňuje určit a studuje strukturu makromolekul a jak souvisí jejich struktura s biologickou funkcí.

Bakalářská práce v teoretické části popisuje funkci proteázových inhibitorů a serpinů, a podává stručný přehled o různých krystalizačních metodách a technikách, testu krystalů. Dále popisuje modelování struktury pomocí Phyre2 a zobrazování modelu pomocí Chimera. Praktická část bakalářské práce je zaměřena na krystalizaci nově připraveného serpinu nu IRS-1 a modelování a následně zobrazování modelů struktury IRS-1 z *Ixodes ricinus*.

Rudolf v průběhu řešení své bakalářské práce zvládl základní a pokročilé krystalizační metody, které použil při zobrazování a analýze struktury studované biomolekuly. Nalezl a optimalizoval krystalizační podmínky pro přípravu proteinových krystalů serpinů IRS-1. Krystaly proteinu byly testovány na zdroji synchrotronového záření a byla zaznamenána difrakční data, ale nebyla dostačující, aby se z toho vyřešila struktura proteinu, proto byla namodelovaná pomocí homology modelingu ve Phyre2.

Rudolf se seznámil se standardními a pokročilými krystalizačními metodami, které se s úspěchem používají ve všech světových laboratořích a také vhodně zpracoval data z literatury a experimentální výsledky, které směřovaly k naplnění cílů bakalářské práce. Všechny cíle práce byly splněny a je zřejmé, že budou použity v dalším výzkumu. Výsledky práce budou použity dále k optimalizaci krystalizačních podmínek a dále k řešení proteinové struktury, k objasnění proteinové funkce a stanou se součástí připravované publikace.

Rudolf byl za krátkou dobu schopen ovládat vybrané volně dostupné webové nástroje, programy a databáze pro studium struktury proteinů. Ocenila jsem jeho píli, samostatnost a nezávislost práce.

Závěr:

Rudolf pochopil podstatu vědecké práce a prokázal schopnost popsat získané výsledky na vědecké úrovni. Úroveň zpracování bakalářské práce odpovídá vědeckým standardům.

Rudolf se díky snaze a zájmu o studovanou problematiku v oboru proteinové krystalografie zařadil mezi mladé vědecké pracovníky, kteří jsou schopni řešit vědecké projekty samostatně a komplexně.

Práci

d o p o r u č u j i / ~~n e d o p o r u č u j i~~ * .

V dne **28.5.2021**



podpis