

Posudek oponenta bakalářské práce předložené na Přírodovědecké fakultě JU

Autor: **Lukáš Martínek**
Název práce: **Hledání telomerické sekvence u pavouků**
Rok odevzdání: **2023**

Oponent: **Mgr. Vratislav Peška, Ph.D.**

Hodnocení v bodech

Odborná úroveň práce:

☒ vynikající ☐ velmi dobrá ☐ průměrná ☐ podprůměrná ☐ nevyhovující

Věcné chyby:

☒ téměř žádné ☐ vzhledem k rozsahu přiměřený počet ☐ méně podstatné četné ☐ závažné

Výsledky:

☒ originální ☐ původní i převzaté ☐ netriviální kompilace ☐ citované z literatury ☐ opsané

Rozsah práce:

☒ veliký ☐ standardní ☐ dostatečný ☐ nedostatečný

Grafická, jazyková a formální úroveň:

☐ vynikající ☒ velmi dobrá ☐ průměrná ☐ podprůměrná ☐ nevyhovující

Celková úroveň práce:

☒ vynikající ☐ velmi dobrá ☐ průměrná ☐ podprůměrná ☐ nevyhovující

Komentář oponenta

Souhrnem lze říct, že bakalářská práce pana Lukáše Martínka (dále jen BP) je výborná na všech úrovních, kromě typografické, která trpí několika málo nedostatky. BP má jasné a poměrně ambiciózně stanovené cíle, tj. identifikovat a charakterizovat telomerovou sekvenci pavouků. Genomy s lineárním uspořádáním řeší problémy svých konců různými způsoby, například kovalentně uzavřenými smyčkami, koncově navázanými proteiny, amplifikací různých repetit, transferem v průběhu reverzní transkripce atd. Obnažené konce dvouřetězcové i jednořetězcové DNA jsou substrátem pro řadu enzymů včetně terminální transferázy, která přidává deoxynukleotidy na hydroxylovaný 3' konec bez templátu a dává tak vzniknout náhodné sekvenci. Ze všech možných způsobů, které mohou na přirozených koncích DNA v genomech eukaryot fungovat, drtivě převažuje udržování pomocí telomerázy, což ovšem nevylučuje, že občas se prosadily alternativní mechanismy. V současnosti víme o výjimkách u dvoukřídlého hmyzu, kvasinek a jiných houbových organizmů, které přežívají ztrátu telomerázy a bohužel také u některých typů nádorů. Pan Martínek byl postaven před otázkou, co tvoří telomerovou DNA u taxonu, který je v tomto ohledu *země neznámá*, u pavouků.

Cením si toho, že se pan Martínek v projektu své BP držel hypotézy, že telomerová sekvence pavouků je repetitivní element s určitými vlastnostmi, jako je uspořádání či délka jednotky, a podle toho volil jasnou strategii, jak ji v genomových datech vytipovat. Jinými slovy, neztratil se ve velkém výčtu dalších možností a neskákal chaoticky od jednoho k druhému. Místo toho systematicky vylučoval hypotetické kandidáty podle logické úspornosti na základě vyhodnocování dostupných dat a vlastních výsledků. Výsledkem tohoto snažení, bohužel, zatím není identifikace konkrétní telomerové sekvence pavouků, ale to nesnižuje hodnotu této BP. Jsem poměrně pevně přesvědčen, že ve svých výsledcích telomerovou sekvenci některého z druhů pan Martínek viděl a četl, jenom zatím nemáme dostatek informací, abychom ji jako takovou rozeznali. Kvalitu odvedené práce dokládá případ odhalení špatně anotovaných genomových dat ve veřejně dostupné databázi a objevení sekvence čmeláka *Bombus hortorum*.

Jediné vady na kráse této BP jsou formálního charakteru, slabší typografie, přesněji řečeno, nevhodné zalamování řádků a jednopísmenné předložky a spojky na jejich koncích. Z dalších bych upozornil ještě na 1) zbytečné používání předpon u sloves cizího původu nafragmentovat, naamplifikovat, vyoptymalizovat, vyizolovat, osekvenovat, namapovat, nahybridizovat, nasyntetizovat; 2) redundance typu neosekvenovaná sekvence, vysokomolekulární DNA molekula, fixovány ve fixáži; 3) nesprávný slovosled typu DNA molekula, *in silico* analýza, BUSCO geny, *in silico* odhadnout; 4) nesprávné odsazení jednotek za hodnotou, např. 25% místo 25 %.

V závěru si dovoluji shrnout, že zmíněné kosmetické vady nesnižují hodnotu BP pana Lukáše Martínka, kterou doporučuji k obhajobě a věřím, že již brzy ho budu právem oslovovat „pane bakaláři“.

Otázky k obhajobě a náměty do diskuze:

1. Prežívají pavouci teplotu -21 °C, které jsou vystaveni po dobu 10 minut?
2. Jaká koncentrace KCl byla použita pro hypotonizaci?
3. Můžete, prosím, blíže specifikovat artefakty způsobené DAPI, o kterých mluvíte na straně 30?
4. Je možné, že zvolená metoda nedenaturační FISH a typ sondy (tj. oligonukleotidová, přímo značená) nejsou vhodné pro detekci AT-bohatých sekvencí, např. (A)₃₅, (AT)₂₀, (TATGTA)₁₁, (TTTGTA)₁₁?
5. Ověřoval jste přítomnost genu pro proteinovou podjednotku telomerázy (TERT) v testovaných genomech?

Práci

- ☒ doporučuji k obhajobě
☐ nedoporučuji k obhajobě

Navrhuji hodnocení

- ☒ výborně ☐ velmi dobře ☐ dobře ☐ neprospěl/a

V Brně, 11. 5. 2023

Mgr. Vratislav Peška, Ph.D.