

**Oponentský posudek bakalářské práce Leony Řezníčkové
"Přestavby MLL genu a jejich klinický význam
u dětských pacientů s akutními leukémiemi"**

Předkládaná práce se zabývá stanovením zastoupení jednotlivých přestaveb genu MLL ve čtyřech souborech pacientů a využitím těchto přestaveb ke sledování minimální reziduální nemoci. Vlastní klasickým způsobem členěný spis má 53 stran textu včetně seznamu publikací autorky. Jedná se bezesporu o značně nadstandardní bakalářskou práci (experimentální povahy), která staví na vynikající úrovni pracoviště, na kterém byla vypracována. Práce působí velmi logicky a uceleně. Spis sám je zpracován velmi pečlivě s minimem drobných chyb, je velmi vkusně formátován a doplněn přiměřeným množstvím informativních tabulek a obrázků.

K obsahu práce nemám žádné závažné připomínky. Z formálního hlediska bych si dovilil vytknout několik nedostatků. Jazykově se mi velmi nelíbí formulace typu "přestavby MLL genu" nebo "na DNA úrovni", které se v textu opakovaně objevují (uvedené příklady jsou hned z názvu práce a z první věty úvodu). Vzhledem ke zvolenému způsobu citací je též nesprávně odkazováno na práci Prof. Starého v legendě k Tab. 1 a zejména v textu na str. 21. U Tab. 1 by si aspoň stručné vysvětlení zaslouhoval pojem "Auerovy tyče". Zkratka MLL je vysvětlena jinak v oddílu Zkratky a jinak v textu na str. 13, a až na str. 19 se čtenář dozví, že vysvětlení je opravdu dvojí. V oddílu Metody jsou chemikálie uváděny směsí české a anglické terminologie, někdy i v rámci jednoho slova (např. na str. 25). V tomtéž oddílu na str. 28 by mělo být sděleno, jaký primer sloužil pro syntézu cDNA (oligoT či náhodná směs), aby čtenář nemusel hledat složení použitého kitu. V sekci Výsledky není jasné, jak se přišlo na všechny atypické nebo komplexní nálezy (str. 36-40) - zda jsou dalšími (a jakými) metodami vyšetřovány všechny vzorky či jen vzorky vybrané atd. Algoritmus vyšetření je zmíněn v jedné větě až v sekci Závěr (str. 46). To, že autorka sama další vyšetření neprováděla, není žádná ostuda - vlastní práce odvedla dost a ve vynikající kvalitě - a podrobný popis celého algoritmu (s poznámkou, že další vyšetření dělal někdo jiný) by docela jistě měl být v textu předcházejícím uvedení výsledků, které z něj vycházejí.

Pro oživení diskuse při obhajobě bych si dovilil položit dvě otázky: 1) Existuje nějaká hypotéza týkající se závislosti četnosti dětských ALL řady B a T na socioekonomické úrovni populace (str. 8) - proč se oba typy liší a jak to odpovídá vývoji v ČR v 90. letech (zvýšení životní úrovně při současném přijetí zdravějších životních návyků a pravděpodobném snížení celkového znečištění prostředí)? 2) Pokud má 80% hypodiploidních ALL 45 chromozómů (str. 12), chybí u každého pacienta (převážně) jeden určitý chromozóm, a pokud ano, chybí v souboru pacientů častěji určité chromozómy, takže by bylo možno stav popsat také jako soubor určitých monosomií?

Uchazečka podle mého názoru předložila vynikající a značně nadstandardní práci, a proto jednoznačně doporučuji pokračovat v dalším řízení.



Prof. Ing. Zdeněk Sedláček, DrSc.

25. 4. 2007