

Posudek školitele na diplomovou práci:

Jana Staňurová

Phenotype analysis of *Schizosaccharomyces pombe* strains harbouring deletions of the *cbf11* and *cbf12* genes

Předkládaná práce Jany Staňurové je důležitou součástí rozsáhlejšího projektu naší laboratoře, zaměřeného na charakterizaci nově nalezených zástupců proteinové rodiny CSL v kvasince *S. pombe*. Tato rodina původně zahrnovala transkripční faktory esenciální pro embryonální vývoj a diferenciaci metazoálních organismů (signální dráha Notch). Pomocí bioinformatických přístupů jsme však našli nové paralogy i v řadě houbových taxonů a na modelu *S. pombe* se nyní snažíme odhalit jejich roli v takto evolučně vzdálených systémech. Doufáme, že poznání této role pomůže ozřejmit ancestrální úlohu proteinů CSL i jejich recentní působení v metazoích. Získané poznatky najdou uplatnění i na poli evoluční molekulární biologie.

Jak je zřejmé z názvu práce, těžiště Janiny výzkumné činnosti spočívalo v zevrubné charakterizaci kmenů s delecí v genech *cbf11* a/nebo *cbf12*, jak jsme nové kvasinkové paralogy pojmenovali, s cílem objasnit jejich biologickou úlohu. V rámci své bakalářské práce se autorka důkladně teoreticky vybavila pro testování mutantních fenotypů senzitivity/rezistence vůči různým stresorům a nyní tyto poznatky aplikovala v praxi spolu s další škálou metod buněčné a molekulární biologie. Použité postupy zahrnují různé formy kultivací a fyziologických testů, mikroskopické techniky, izolaci a detekci nukleových kyselin a proteinů. Prominentní místo v tomto seznamu zaujímá kvantitativní PCR. Zde autorka zavedla celý pracovní postup pro nový přístroj (cycler) a hlavně důkladně zpracovala metodické pokyny pro design a provádění tohoto typu experimentů (od sběru biologických vzorků po analýzu výstupů PCR). Tento počín považuji za velmi cenný pro celé pracoviště.

Jana odvedla obrovskou spoustu dobré práce a klíčové „pozitivní“ výsledky prezentované v jejím spisu (a dnešní obhajobě) jsou v podstatě jen vrcholem ledovce či třešničkou na dortu. Jako výmluvný důkaz slouží skutečnost, že její data se stala součástí dvou publikací, které jsou k diplomové práci přiloženy. S Janiným přispěním se našemu týmu podařilo etablovat houbové zástupce rodiny CSL jakožto transkripční faktory s širokým polem působnosti v oblasti regulace buněčného a jaderného dělení, adheze a morfogeneze kvasinkových kolonií. Vlastní spis, vyvedený vynikající angličtinou, je na vysoké formální i obsahové úrovni.

K práci nemám připomínky a jednoznačně ji doporučuji k obhajobě a klasifikaci stupněm výborně.

RNDr. Martin Převorovský, Ph.D.

Katedra buněčné biologie
Přírodovědecká fakulta UK
Viničná 5
128 43 Praha

Department of Genetics, Evolution and Environment
University College London
Gower Street
WC1E 6BT London
UK