



Oponentský posudek disertační práce Mgr. Nikolety Dupl'ákové

## Identification and characterization of transcription factors affecting late stages of male gametophyte development in *Arabidopsis thaliana*

Mgr. Dupl'áková řešila disertační práci spojující značné nároky jak na biologickou experimentální práci, tak i na bioinformatické dovednosti uchazečky. Práce totiž zahrnovala např. hledání a charakterizaci transkripčních faktorů uplatňujících se při vývoji pylových zrn, analýzu T-inzerčních linií mutant v genech pro transkripční faktory, vytipovaných na základě transkriptomických studií včetně fenotypové analýzy, vytvoření databáze *Arabidopsis Gene Family Profiler* nebo analýzu strukturních domén kandidátního transkripčního faktoru *in silico*. Ucelené výsledky byly získány při funkční charakterizaci atbZIP34 mutantu, který byl odhalen při výzkumu sítě transkripčních faktorů v samčím gametofytu *A. thaliana*.

Podle mého názoru se těchto úkolů zhostila Mgr. Dupl'áková výborně.

Mohu např. z vlastní zkušenosti a ze zkušenosti svých kolegů a kolegyně potvrdit, že databáze aGFP je užitečným a uživatelsky přátelským nástrojem pro vyhledávání údajů o expresi genů v rostlinách na úrovni mRNA v různých orgánech a vývojových stádiích *Arabidopsis thaliana*. Objektivnějším měřítkem významu práce jsou pak publikační výstupy, u kterých je Mgr. Dupl'áková první autorkou nebo spoluautorkou. Jedná se o dvě publikované práce v kvalitních mezinárodních časopisech v daném oboru, a další dvě práce, které jsou ve stadiu recenzního řízení. Tuto kolekci doplňuje rozsáhlá kapitola *Online Tools for Presentation and Analysis of Plant Microarray Data* v knize *Oligonucleotide Array Sequence Analysis*.

K práci mám následující (většinou jen formální) připomínky a dotazy:

1) Práci by prospěl vyšší počet obrázků (např. struktur nebo predikovaných struktur transkripčních faktorů a jejich funkčních domén, o nichž se v práci pojednává).

2) práce obsahuje četné překlepy, chyby v angličtině (např. v předložkových vazbách), zřídka i nesrozumitelná slov. spojení, např.:

( *Using bioinformatics tools and mathematical techniques (eg. EPCLUST) for selection of specific pollen or pollen significant of putative transcription factors in the late stages of male gametophyte development*) - p. 15

*The exine patterning is affected but not the only phenotypic defects observed in atbzip34 pollen.*(p.24)

3) Je velmi pozitivní, že autorka u každé publikace přesně charakterizuje svůj autorský podíl. Formulace „I was responsive...“, které v této souvislosti používá, však znamená něco úplně jiného, než „I was responsible...“, což měla autorka spíše na mysli.

4) Na str. 26 autorka přechází od „male gametophyte“ k „female gametophyte“ a pak zase zpět k „male gametophyte“, ačkoli předpokládám, že stále píše o „male gametophyte“. Ale nejsem si jist - jak to ve skutečnosti je ?

5) Str. 31 – členění mutantních linií na „interesting“ a „uninteresting“ není příliš šťastné. Ačkoli je zřejmé, co má autorka na mysli, tento pojem není ve vědecké práci vhodný, odráží čistě subjektivní postoj zkoumajícího a to ještě jen ve vztahu ke zkoumanému jevu a



použitému přístupu. Při použití jiných technik bude výsledek podobného třídění vypadat možná úplně jinak.

6. Mezi zajímavé výsledky patří bezesporu funkční charakterizace genu *DEPOLL*, původně považovaného za gen pro transkripční faktor. Na základě autorčinných výsledků se zdá, že se příslušný protein podílí regulaci proteinů, které se účastní na vývoji pylových zrn, ale nikoli jako transkripční faktor. Jaká je pracovní hypotéza o mechanismu, jakým *DEPOLL* působí? Bylo by možné, že by C2 doména tohoto proteinu komplementovala s H2 doménou umístěnou na jiném proteinu prostřednictvím protein-proteinové interakce?

Závěrem chci prohlásit, že předloženou disertační práci hodnotím jako velmi kvalitní a doporučuji ji k obhajobě ke získání titulu Ph.D.

V Brně dne 5. 8. 2010

Prof. RNDr. Jiří Fajkus, CSc.