

Posudek oponenta bakalářské práce

Jméno a příjmení uchazeče/ky : Adéla Příbylová

Název práce: Na velikosti záležit - biogeneze a funkce siRNA u *Arabidopsis thaliana*

A. Bodové hodnocení jednotlivých aspektů práce (označte právě jednu z možností)

| 1. Rozsah BP a její členění | |
|-----------------------------|---|
| X | A - přiměřené, odpovídají charakteru BP a významu jednotlivých částí |
| | B - nevyrovnané, členění není logické n. rozsah jednotlivých částí nekoresponduje s jejich významem |
| | C - uspokojivé, rozsah některých částí nedostačuje |
| | N - nedostatečné |

| 2. Odborná správnost | |
|----------------------|---|
| | A - výborná, bez závažnějších připomínek |
| X | B - velmi dobrá, s ojedinělými drobnými závadami (nejasnost výkladu, chyby ve vzorcích nebo chemických názvech, nedokonalý popis metod nebo výsledků) |
| | C - uspokojivá, s četnějšími drobnými závadami |
| | N - nevyhovující, s hrubými chybami |

| 3. Uvedení použitých literárních a j. zdrojů | |
|--|---|
| | A - bez připomínek, všechny převzaté údaje s citací zdroje, celkový počet citací odpovídá charakteru práce |
| X | B - uspokojivé, s občasnými neobratnostmi zejm. v umístění odkazů, nebo s celkově nižším počtem citací |
| | C - s vážnějšími závadami, např. převažují "nestandardní" odkazy na učebnice, přednášky, webové stránky, nebo se ojediněle vyskytuje opominutí odkazu na zdroj převzatých dat |
| | N - nevyhovující, velmi málo citací, ev. rysy plagiátu (časté opomíjení odkazu na zdroj převzatých dat, popř. opsání velkých částí textu) |

| 4. Jazyk práce | |
|----------------|---|
| | A - výborný, práce je napsána čtivě a srozumitelně, bez závažnějších gramatických n. pravopisných chyb |
| X | B - velmi dobrý, ojedinělé stylistické neobratnosti, gramatické n. pravopisné chyby |
| | C - uspokojivý, četnější slohové neobratnosti, gramatické n. pravopisné chyby, ojediněle se vyskytují obtížně srozumitelné n. nejednoznačné formulace |
| | N - nevyhovující, s četnými hrubými chybami |

| 5. Formální a grafická úroveň práce | |
|-------------------------------------|--|
| | A - výborná, bez překlepů a chyb ve formátování |
| X | B - velmi dobrá, ojedinělé chyby formátu citací, překlepy, chybějící zkratky apod. |
| | C - uspokojivá, s ojedinělými většími (např. vynechání stránky) nebo četnějšími drobnými chybami |
| | N - nevyhovující, s četnými hrubými chybami |

Případný slovní komentář k bodům 1. až 5. :

Oponovaná práce je standardní literární rešerši a pokrývá dvě skupiny témat - i) popis hlavních složek RNAi komplexů (kap. 1) a ii) popis známých drah RNAi (kap. 2-6). Již zde je patrná mírná nesystematičnost ve členění práce. Celá první tematická oblast je sice součástí úvodu, ale ten je následně logicky členěn na podkapitoly odpovídající jednotlivým aktérům (dsRNA, sRNA, DCL, AGO, RDR). Podobná hierarchická struktura by slušela i druhé, snad hlavní tematické oblasti. Popisované dráhy zde tvoří jednotlivé kapitoly bez společného úvodu. Tím by snad mohl být poslední odstavec kapitoly 1, která tak tvoří úvod celé práci.

Autorka pro psaní práce použila a pečlivě zpracovala úctyhodný počet 108 článků. Problémem však je jejich výběr, který je pro každou rešerši zásadní. Průměrné stáří použitých článků je sedm nebo osm let s tím, že jen minimum prací je z poslední doby. To je v tak dynamickém oboru jako je výzkum RNAi skutečně příliš. To také považuji za hlavní slabinu textu. Přitom je k dispozici celá řada původních prací i souhrnných článků z let 2011-2013. Důsledkem této skutečnosti jsou i některá neaktuální tvrzení, která se v textu objevují. Autorka tak v několika kapitolách zajímavým způsobem zpracovává daná témata, ale v důsledku starších informačních zdrojů jakoby zůstává před branami aktuálního a komplexního sdělení. Práce je navíc velmi popisná, možná až katalogizující a postrádající lepší propojení jednotlivých kapitol a témat. Stručně a jen s mírnou nadsázkou text působí jako soubor několika ne vždy úplných slovníkových hesel seřazených bez zjevné návaznosti.

Související specifické připomínky

1) Autorka v práci popisuje čtyři (či pět, počítáme-li také RNAi spouštěnou virem) dráhy biogeneze sRNA, kdy se prolínají dráhy zahrnující miRNA a siRNA. Není mi jasné, z jakého důvodu autorka zvolila pořadí kapitol 2-6, které zvolila a proč věnovala jedné z majoritních drah (miRNA) stejně prostoru jako u rostlin minoritní dráze NAT. Tato nerovnováha ještě více vyvstane při popisu příkladů. U dráhy NAT je podrobně popsán jeden z mála známých příkladů - geny *SRO5/P5CDH* (systém je uveden jako příklad dráhy *trans-NAT*, ale jedná se o dráhu *cis-NAT*, oba geny spolu sousedí; dráha *trans-NAT* je navíc u rostlin zatím předpokládána jen hypoteticky). V tomto kontextu působí jednovětvý odstavec věnovaný významu miRNA doložený dvěma citacemi z roku 2003 velice stručně. Považuji za nutné poznamenat, že existují i systémy, které se snaží jednotlivé dráhy uspořádat a uvést do vzájemných vztahů, např. hierarchický klasifikační systém (Axtell 2013 Annu Rev Plant Biol), který na nejvyšší úrovni rozeznává dva typy sRNA - hpRNA a siRNA. Autorka s tímto systémem jistě nemusí souhlasit, ale nepochybně by bylo vhodné jej v práci zmínit a v ideálním případě diskutovat jeho klady a zápory.

2) Autorka v kapitole 2 uvádí, kolik je v *Arabidopsis* překrývajících se genů, které mohou tvořit NAT. Již byla publikována celogenomová studie mapující přítomnost *cis-NAT* genových dvojic ve vztahu k přítomnosti odpovídajících siRNA, která ukázala, že jen velmi malé množství těchto potenciálních kandidátů bylo skutečně využito (Zhang et al. 2012 Genome Biol).

3) Autorka v poslední kapitole 7 zmiňuje dvě používané metody - VIGS a hpRNAi. Mimo to by bylo vhodné zmínit dvě další metody, z nichž jedna je již široce užívaná (amiRNA, Schwab et al. 2006 Plant Cell) a druhá má potenciál paralelně snížit expresi několika i nepříbuzných genů (MIGS, de Felippes et al. 2012 Plant J). Obě metody pocházejí z laboratoře D. Weigela (www.weigelworld.org).

Formální připomínky

- 1) velice výjimečně jsou nesprávně umístěny citace (např. str. 6 dole, protein HYL1 je poprvé představen bez citace)
- 2) chybí popisy tabulek
- 3) chybí odkazy na obrázky a vysvětlující legenda. Z legendy není zřejmý zdroj obrázků či informace, že se jedná o tvůrčí počín autorky

B. Obhajoba

Dotazy k obhajobě

- 1) Je již něco známo o proteinech AGO5 a AGO9?
- 2) Můžete uvést konkrétní příklady funkce miRNA u rostlin doložené recentními citacemi?
- 3) Kapitola 4 se nazývá "Tvorba sekundárních siRNA, včetně ta-siRNA", avšak v textu pojednáváte pouze právě o ta-siRNA. Jaké další sekundární siRNA znáte?

Stanovisko k opravě chyb v práci:

opravný lístek/oprava v textu **JE** / **NENÍ** (zakroužkujte) podmínkou přijetí práce

C. Celkový návrh

Práci **doporučuji** k přijetí k dalšímu řízení: **ANO**

Navrhovaná celková klasifikace

Datum vypracování posudku: 3.6.2013

Jméno a příjmení, podpis oponenta (SIS): RNDr. David Honys, Ph.D.