

Posudek oponenta diplomové práce Davida Vinklera (PřF UK)

„Evoluce a exprese odoranty vázajících proteinů u vybraných zástupců rodu *Mus*“

Cílem této práce bylo zkoumat sekvence a exprese genové rodiny pro myši proteiny vázající odoranty. *Úvod* je čtivý, úměrný řešené problematice a dostatečně široce zaměřen, ukazuje na mezery v našich znalostech - a tím na směr dalšího výzkumu. Ze sekce *Materiál a Metody* vyplývá, že autor ovládá popisované genetické metody. V sekci 3.1 *Původ biologického materiálu* by mělo být uvedeno, z jaké lokality (linie, kmene) pocházely myši použité na expresi a sekvenování a zda byli použiti stejní jedinci na expresi i sekvenování, popř genotypování.

Výsledky jsou relevantní vzhledem k vytyčeným cílům. Pro konstrukci fylogenetického stromu by bylo vhodnější použít i jiné metody než *neighbor-joining (maximum-likelihood, maximum-parsimony)* a srovnat jejich výstupy. Obrázky se dají pochopit z popisků nebo z textu; pouze v obr.16 až 19 se vyskytuje tkáň „U“, kterou se mi nepodařilo vystopovat. Obrázek 20 a text, který ho interpretuje (s.59) si vzájemně neodpovídají a tato interpretace by měla být objasněna.

V Tabulce 8 jsou identické řádky - pro větší přehlednost by bylo lepší ji vynechat nebo dát do přílohy (pak uvést také identifikátor myši) a místo ní uvést ve *Výsledcích* souhrnnou tabulku s počty lokalit, jedinců a alel získaných pro každý (pod)druh. „V sekci *Výsledky* vědecké práce by se neměla vyskytovat sousloví typu „téměř žádné“ (s.42) nebo „v (drtivě) většině případů“ (s. 42, 51), ale vše by mělo být kvantifikováno; uvedená hodnotící sousloví patří do *Diskuze*. Např. místo „... sekvenace neodhalila téměř žádné jednonukleotidové polymorfismy (Single-nucleotide polymorphisms; SNP) ...“ by se měl uvést počet a procento SNP a zda se nemohlo jednat o sekvenační chyby. Synonymní SNPy totiž představují důležitou položku při dedukci evoluční historie genů.

Oficiální nomenklatura genů vyžaduje, aby byly zkratky myších genů uvedeny kurzívou, první písmeno velké, všechna ostatní malá (např. *Atp5b*).

Výsledky jsou v *Diskuzi* patřičně porovnávány se známými údajům z literatury a jsou zde odpovědi na otázky kladené v *Cílech práce*.

V *Seznamu použité literatury* jsem našel všechny citované práce, které jsem hledal; styl je u většiny citací stejný, ale jsou tu drobné chyby (např. s.70 dole: Nature 44416). *Abstrakt* i

Abstract jsou jasné a stručné, ale mohly být konkrétnější vzhledem k výsledkům (neříkají o moc nic víc než název práce). *Závěr* je v tomto smyslu lepší. V *Příloze* by měly být uvedeny též nukleotidové sekvence získané autorem (nebo jejich databázové reference).

Přes uvedené nedostatky předložená práce podle mého názoru splňuje požadavky kladené na diplomové práce, včetně rozsahu. Její cíle považuji za splněné a doporučuji ji k obhajobě.

V Praze, 12.9. 2011

Ing. Zdeněk Trachtulec, Dr.

Ústav molekulární genetiky AVČR, v.v.i

Vídeňská 1083

142 20 Praha 4-Krč