

Posudek diplomové práce

Analýza exprese genů žahavce *Tripedalia cystophora*

Autor: Veronika Gabanová

Veronika Gabanová se ve své diplomové práci v rozsahu přibližně 70 stran zaměřila na charakterizaci genů jednoho zástupce mořských žahavců. V přehledu literatury je nejprve vyzdvížen význam kmene žahavců pro studium evoluce genů. Následuje po odborné i textové stránce velmi zdařilý popis životních stadií a unikátních orgánů druhu medúzky *T. cystophora*, který je doplněn o recentní citace. Zvláště podrobně jsou v této kapitole rozvedeny larvální vývoj a unikátní orgán rhopalium. Následuje krátký pohled do historie genomiky a současnosti bioinformatiky.

Další kapitoly obsahují metodiku kultivace a fixace živých dospělců a larev žahavců a také práci s RNA a DNA, od jejich izolace přes přípravu cDNA a metodiku PCR až po klonování upravených fragmentů DNA a jejich sekvenční analýzu.

Výsledková část je rozdělena do tří kapitol. První z nich krátce dokládá způsob přípravy knihovny cDNA, z níž bylo následně sekvenováno. Nejrozsáhlejší druhou kapitolu tvoří analýza genů odvozená ze zastoupení a síly homologie jednotlivých sekvencí EST k sekvencím genů vybraných modelových organismů. Po uvedení rozsáhlých seznamů homologií jsou vyzdvíženy některé zajímavé geny v souvislosti s jejich funkcí u člověka. Dále je podrobněji rozebrána ztráta genů u modelových organismů jako je *Drosophila* a *C. elegans* a naopak společné sdílení genů u tak evolučně vzdálených druhů jako je zkoumaná *T. cystophora* a člověk. V poslední třetí kapitole byla u tří vybraných genů provedena *in situ* hybridizace, která dokládá expresi těchto genů v rhopalium. Úspěšné provedení této metody právě na rhopalium je velmi nesnadné.

Je obdivuhodné, s jakou odbornou znalostí a zároveň do češtiny někdy nesnadno převoditelnou terminologií je zpracován jak biologický pohled na daný organizmus, předvedený v první části, tak bioinformatická analýza nalezených homologií genových sekvencí, zpracovaná ve výsledkové části. Zapojení bioinformatiky, vyhodnocování hromadných dat a vyvozování důležitých souvislostí z nich je dnes klíčem k pochopení komplexních biologických otázek.

Po formální stránce lze stěží něco vytknout, kromě opravdu jen několika málo překlepů, např. na str. 13. Diplomová práce je napsána přehledně, srozumitelně, gramaticky správně, s četným obrazovým doprovodem. Zpracování všech citací, převážně z posledních let, je vyvážené. Celkově tuto diplomovou práci hodnotím jako velmi zdařilou.

Diplomovou práci hodnotím výborně.

Otázky:

1. Proč je sekvenování knihoven cDNA důležitou součástí analýzy genomů?
2. Jaké geny jsou u žahavců nejvíce studovány?
3. Jakou vidíte budoucnost druhu *T. cystophora* jako modelového organismu?

V Praze, 18.9.2008

RNDr. Čestmír Vlček, PhD.

Odd. Genomiky a bioinformatiky
Ústav molekulární genetiky AV ČR, v.v.i.