

POSUDEK ZÁVĚRČNÉ PRÁCE

Políčko lze zaškrtnout dvojitým poklepáním levým tlačítkem myši

Titul: Screening a identifikace bakteriofágů v lokálních populacích hlodavců

Autor práce: Tereza KOZELKOVÁ

Autor posudku: doc. RNDr. Roman PANTŮČEK, Ph.D.

1. Jsou v souladu titul a obsah práce se zadáním práce? ano ne
2. Nechybí v práci formulář *Zadání*? nechybí chybí
Nechybí v práci *Prohlášení*? nechybí chybí
Nechybí v práci *Obsah*? nechybí chybí
Nechybí v práci kapitola *Literatura*? nechybí chybí
3. Je členění práce logické a přehledné? ano ne zcela ne
4. Je diskuse logická a s dobře zdůvodněnými závěry? ano ne zcela ne
5. Je kapitola závěr jasně formulovaná? ano ne zcela ne
6. Jsou správně citované zdroje informací v textu práce? ano ne zcela ne
7. Je seznam použitých zdrojů informací bez chyb ano ne zcela ne
a úplný? ano ne zcela ne
8. Je cizojazyčné resumé bez chyb? ano ne zcela ne
9. Jsou všechny obrázky, tabulky a přílohy nezbytné? ano ne zcela ne
10. Jsou všechny tabulky, obrázky a přílohy dostatečně kvalitní? ano ne zcela ne
11. Je jazyk a gramatika práce bez chyb? ano ne zcela ne
12. Jsou taxonomické pojmy bez chyb? ano ne zcela ne
13. Doporučujete práci k obhajobě? ano ne
14. Doplňte hodnocení práce: výborně
 velmi dobře
 dobře
 nevyhovující

15. Do diskuse navrhuji otázku ve znění: **Z metod a výsledků vyplývá, že nebyla použita pozitivní kontrola s fágovou DNA. Jak byste komentovala možnost získání falešně pozitivních výsledků, vzhledem k pochybnostem o specifické amplifikaci sekvencí T7 podobných bakteriofágů. Primery byly použity v několika necitovaných publikacích; diskutujte, jaké zkušenosti s použitými primery mají jiní autoři. Mohou použité primery amplifikovat také sekvence profágů v enterobakteriálních genomech?**

Nedílnou a povinnou součástí hodnocení kvalifikační práce je slovní vyjádření se k práci s podrobným uvedením připomínek a zdůvodněním navrhovaného hodnocení na samostatném listě nebo zadní straně tohoto formuláře.

Závěrečná práce Terezy Kozelkové je zaměřena na identifikaci bakteriofágů v biologickém materiálu z různých druhů hlodavců metodou polymerázové řetězové reakce. O bakteriofágy je v posledních letech zájem vzhledem jejich možnému aplikovanému využití, téma proto považuji za originální a aktuální. Práce je standardně členěna, bez závažnějších formálních nedostatků, rozsah je 46 stran plus 12 stran příloh. Práce je vhodně dokumentována obrázky, pouze nukleotidové sekvence by bylo vhodnější doložit v elektronické formě nebo deponovat v databázi. Cíle práce jsou reálné, metodika vhodně zvolená. Pro identifikaci fágů byla využita metoda PCR, kterou autorka zvládla stejně jako související techniky, gelovou elektroforézu, sekvenování PCR produktů a analýzu dat. K práci mám následující připomínky:

- Některá tvrzení, která nejsou všeobecně známa, jako např. číselné údaje, nejsou správně dokumentovány citacemi nebo nejsou citovány původní zdroje. Např. na str. 2 informace o prevalenci fágů na Zemi. Navíc tento údaj není správně uveden, nejedná se o počet druhů fágů, ale počet fágových částic na Zemi. Počet druhů fágů je 10-20 na každý bakteriální druh, jejichž počet se odhaduje v desítkách tisíc.
- Naopak není vhodné citovat vysokoškolské učebnice k všeobecně známým údajům jako např. Rosypal 2000 nebo Alberts 2008, a je vhodné množství těchto obecně známých údajů minimalizovat.
- Úvodní pasáž o biologii bakteriofágů je zastaralá a informačně na úrovni 10 let zpět. Od té doby došlo k velkému pokroku ve výzkumu fágů. U mnohých jako např. Fág T4 je už známa struktura na atomárním rozlišení, Obr. 1 tak mohl být nahrazen mnohem realističtějším. Experimentálním záměrem práce bylo identifikovat bakteriofágy rodu *Borrelia*, očekával bych proto zaměření úvodu na bakteriofágy spirochet, ke kterým existuje početná literatura a jsou velmi zajímavé co se týká jejich molekulární biologie. Orientaci autorky v literatuře tedy hodnotím jako průměrnou a řešerše by si zasluhovala více pozornosti.
- Z výsledků experimentální části práce vyplývá, že autorce se podařilo detekovat T4-podobné fágy enterobakterií s primery navrženými pro gen hlavního kapsidového proteinu. Proč však byly pro další práci zvoleny primery navržené pro T7 podobné fágy enterobakterií není dobře zdůvodněno. Jaká je homologie těchto primerů s genomy fágů spirochet?
- Co se týče interpretace dat, není uvedeno, jaká je stabilita konstruovaných fylogenetických stromů, tedy bootstrapové hodnoty. U globálních sekvenčních příložených sekvencí jsou dosažené podobnosti velmi nízké, na první pohled náhodné. Bylo by vhodné doplnit, jaká je podobnost daných lokusů na proteinové úrovni.

Přes uvedené výhrady doporučuji závěrečnou práci Terezy Kozelkové k obhajobě a navrhuji hodnotit ji klasifikačním stupněm **velmi dobře**.

Datum: 11.5.2017

Podpis:



doc. RNDr. Roman Pantůček, Ph.D.