UNIVERZITA KARLOVA V PRAZE FARMACEUTICKÁ FAKULTA V HRADCI KRÁLOVÉ

Téma diplomové práce	**Profilování genové exprese po experimentální perinatální asfyxii a účinky anafylatoxinu C3a odvozeného z komplementu**
Jméno studenta, studentky	**Hana Šourková**
Jméno oponenta	**Doc. PharmDr. Tomáš Šimůnek, Ph.D.**

II. Posudek oponenta

Předložená diplomová práce Hany Šourkové je výsledkem její stáže absolvované v rámci projektu Erasmus na univerzitě v Göteborgu. Výzkumný projekt měl za cíl studium exprese vybraných genů během tří týdnů po modelovém poškození mozku simulujícím perinatální asfyxii. Porovnávány byly změny u kontrolních zvířat a myší exprimujících transgen C3a s promotorem GFAP.

V úvodní teoretické části diplomantka stručně shrnula literární data týkající se ischemického poškození mozku a role komplementu v této patologii. Dále je zde detailní popis metodiky izolace mRNA, reverzní transkripce a qRT-PCR pro studium genové exprese.

Vlastní experimentální práce popisuje analýzu exprese impozantního (nicméně možná až obtížně uvěřitelného...) počtu 25 genů v 7 časech, 3 oblastech mozku a na 2 genotypech myší (= 1050 stanovení při jediném opakování). Jedná se o velmi zajímavou studii na klinicky významné téma. I když ze zde prezentovaných výsledků nelze vyvozovat jednoznačné závěry, je nepochybné, že v rámci špičkové laboratoře prof. Pěkného budou získaná data zasazena do kontextu širšího výzkumu. Jak sama autorka v závěru uvádí, pozorované změny by zasloužily studium na úrovni proteinu a také by bylo zajímavé pokusit se odlišit expresi v rámci jednotlivých buněčných typů.

Po formální stránce má diplomová práce dobrou úroveň; je přehledná a doložená kvalitní obrazovou dokumentací. Práce je napsána ve velmi čtivém a jasném slohu, výbornou angličtinou, prakticky bez chyb či překlepů. Předloženou práci proto celkově hodnotím pozitivně, mám nicméně několik poznámek, dotazů, či námětů k diskusi:

1. Mohla by diplomantka specifikovat svůj podíl na prezentovaných výsledcích (provedení in vivo hypoxických experimentů, izolace tkání, purifikace RNA, reverzní transkripce, qRT PCR, analýza dat...)?
2. V práci jsem nenalezl údaj o počtu experimentů pro stanovení změn exprese, ze kterých byly počítány průměry. Není uvedeno, zda chybové úsečky jsou SD nebo SEM. Také by bylo dobré provést statistickou analýzu získaných dat.
3. Bylo by vhodné diskutovat vlastní nálezy s daty získanými v podobných studiích jinými autory.

Závěr: Předložená práce přináší důležité nové výsledky a jednoznačně splňuje požadavky na diplomovou práci kladené. Doporučuji ji proto k obhajobě.

Navrhovaná klasifikace **výborně**

V Hradci Králové dne 22. 5. 2009

Podpis oponenta diplomové práce