

Analiza in silico wpływu substytucji pojedynczych aminokwasów na termostabilność syntazy skrobiowej SSI jęczmienia zwyczajnego (*Hordeum vulgare* L.)

Uczestnik	KOWALSKA OLGA
Szkoła	II LICEUM OGÓLNOKSZTAŁCĄCE Z ODDZIAŁAMI DWUJĘZYCZNYMI IM. ADAMA MICKIEWICZA W SŁUPSKU ul. Adama Mickiewicza 32 76-200 Słupsk

Tematyka (0–8 pkt)

- | | |
|--|---|
| 1. Zgodność treści plakatu z tematem | 2 |
| 2. Poprawność streszczenia | 2 |
| 3. Prawidłowe uzasadnienie podjęcia badań | 2 |
| 4. Właściwie sformułowany cel badań/problem badawczy | 2 |

Uzasadnienie Autorka podjęła bardzo ciekawy problem badawczy, dotyczący termostabilności syntazy skrobi przedstawiony w kontekście zmian klimatycznych i ich wpływu na uprawy ważnych gospodarczo zbóż.

Materiały i metody (0–10 pkt)

- | | |
|--|---|
| 5. Prawidłowy dobór i opis materiału badawczego (obiektu i terenu badań) | 2 |
| 6. Właściwy dobór parametrów mierzonych lub cech obserwowanych | 2 |
| 7. Prawidłowy plan badania | 2 |
| 8. Prawidłowy sposób rejestracji danych | 2 |
| 9. Opis materiałów i metod pracy umożliwiający ocenę wyników | 2 |

Uzasadnienie Autorka wykazuje się ponadprzeciętną wiedzą o biochemii białek oraz dużą biegłość w stosowaniu narzędzi bioinformatycznych do ich analiz. Autorka twierdzi, że struktura HvSSI nie jest kompletna „z uwagi na ... nieuporządkowanie” kilku domen. W mojej opinii, prawdopodobnie usunięto fragmenty białka, w celu polepszenia jego ekspresji heterologicznej oraz poprawy stabilności w roztworze. Nie jestem pewien czy jak twierdzi Autorka „Brakujące pętle prawdopodobnie pełnią ważną rolę w procesie wiązania substratu” skoro białko wykorzystane do uzyskania referencyjnej struktury 4HLN została wykrystalizowane z substratem.

Wyniki (0–6 pkt)

- | | |
|------------------------------------|---|
| 10. Właściwe opracowanie wyników | 2 |
| 11. Właściwe przedstawienie danych | 2 |
| 12. Właściwy opis wyników | 2 |

Uzasadnienie Wyniki zebrane w postaci dwóch rycin i jednej tabeli. Szczególnie ciekawe jest przedstawienie aminokwasów, których substytucje mogą stabilizować strukturę, na rycinie 1 przedstawiającej strukturę SSI. Doskonale widać, że większość z nich lokalizuje się na powierzchni białka w rejonach pętli.

Prowadzenie dyskusji i wnioskowanie (0–6 pkt)

- | | |
|--|---|
| 13. Poprawność interpretacji uzyskanych wyników | 2 |
| 14. Poprawność dyskusji | 2 |
| 15. Wnioski prawidłowo sformułowane i uprawnione | 2 |

Uzasadnienie Ciekawa dyskusja. Zgadzam się z Autorką, że przewidywanie mutacji za pomocą narzędzi bioinformatycznych wymaga weryfikacji doświadczalnej (in vitro). W dyskusji brak jednak zaproponowanych metod doświadczalnej weryfikacji wpływu mutacji na stabilność oraz aktywność HvSSI. Bardzo ciekawa część dyskusji dotycząca lokalizacji miejsc potencjalnych mutacji (pętle / alfa-helisy).

Spójność i forma pracy (0–6 pkt)

- | | |
|---|---|
| 16. Właściwie cytowana literatura | 2 |
| 17. Poprawny układ pracy | 2 |
| 18. Poprawny język i słownictwo naukowe | 1 |

Uzasadnienie Praca poprawna pod względem formalnym, napisana poprawnym, przystojnym i bardzo dojrzałym językiem. Trudne zagadnienia przedstawione w sposób jasny i klarowny. Zauważyłem kilka drobnych lapsusów językowych np. „w luźniej zorganizowanym fragmencie białka” lub tłumaczeń z języka angielskiego „prognozę wywoływania destrukcyjnego wpływu na strukturę białka” czy „profile fluktuacji poddanych symulacjom wariantów”, choć nie mają one wpływu na odbiór i zrozumienie pracy.

Szczególne walory pracy (0–8 pkt)

Punktacja 6

Uzasadnienie Szczególna wiedza z zakresu biochemii i analiz bioinformatycznych białek.

Suma pkt: 41/44