

Kwestionariusz recenzji projektu badawczego

(dotyczy projektów badawczych własnych i promotorskich)

Nr projektu 3498	Data wysłania
Kierownik projektu prof. dr hab. Andrzej Paszkowski	Dyscyplina naukowa N301
Tytuł projektu Biosynteza izoenzymów aminotransferazy asparaginianowej u przenicy zwyczajnej (<i>Triticum aestivum</i> L.) (PROMOTORSKI)	

Części składowe oceny projektu:

1. Wartość naukowa i/lub innowacyjna projektu (ocena 0-4 pkt)	<u>3</u>
2. Poprawność przyjętych metod badawczych (ocena 0-2 pkt)	<u>1.5</u>
3. Zasadność planowanych kosztów (ocena 0-1 pkt)	<u>1</u>
4. Realna możliwość wykonania projektu (ocena 0-3 pkt)	<u>2</u>

Ocena końcowa (suma punktów z elementów ocen 1 do 4)

7.5

Skala oceny końcowej:

- projekt wyróżniający się.....9 – 10 pkt
- projekt bardzo dobry.....7 – 8 pkt
- projekt dobry.....5 – 6 pkt
- projekt słaby.....3 – 4 pkt
- projekt nie do przyjęcia..... 0 – 2 pkt

Na odwrocie proszę przedstawić ocenę projektu ustosunkowując się do każdego z przedstawionych elementów oceny. Brak uzasadnienia recenzji uniemożliwia jej uwzględnienie przy ocenie. Konkretnie uwagi recenzenta na temat zalet i wad projektu są najważniejsze dla tej oceny. Dostarczone materiały nie mogą być kopiowane, przekazywane postronnym osobom i powinny być zwrócone do MEiN po wykonaniu recenzji.

Uzasadnienie oceny projektu 3498:

1. Wartość naukowa i/lub innowacyjna projektu

Autorzy projektu zamierzają przeprowadzić wieloetapową analizę ekspresji genów kodujących izoenzymy aminotransferazy asparaginianowej (AAT) u heksaplidalnej pszenicy. AAT jest enzymem uczestniczącym w przemianie białek – przenosząc grupy aminowe a aminokwasów na α -ketokwasy bierze udział w regulacji przepływu węgla i azotu (funkcja w metabolizmie komórkowym). Poszczególne etapy planowanej przez autorów projektu analizy pozwolą na: (1) poznanie sekwencji nukleotydowej cDNA genów AAT pszenicy, (2) poznanie ich lokalizacji chromosomowej (analiza porównawcza zymogramów), (3) oznaczenie profilu ich ekspresji na poziomie transkryptu (*real-time* RT-PCR), oraz (4) oczyszczenie izoenzymów AAT z liści siewek pszenicy i ich charakterystykę biochemiczną (masa cząsteczkowa, sekwencja aminokwasów, kinetyka reakcji). Badania te przyczynią się do poszerzenia wiedzy w zakresie funkcjonowania genów allelicznych u organizmów poliploidalnych oraz dostarczą dodatkowych informacji na temat organizacji genomu pszenicy (projekt poznania sekwencji genomu). Fakt iż przedmiotem badań jest gatunek uprawny, pszenica zwyczajna, nadaje projektowi również znaczenie potencjalnie aplikacyjne (tworzenie roślin transgenicznych z genem AAT), jednakże prace takie wykonane już zostały w innych ośrodkach badawczych.

Ponadto, rodzi się pytanie, dlaczego analizy RT-PCR (w celu amplifikacji cDNA genów AAT do dalszego ich sekwencjonowania) oraz *real-time* RT-PCR (analiza ekspresji genów AAT na poziomie transkryptu) przeprowadzone zostaną jedynie dla 3 genów AAT (po jednym z każdego *locus*), skoro mamy do czynienia z rośliną heksaplidalną i spodziewać się można dla każdego *locus* (3L, 6L i 6S) 3 form allelicznych (genom A, B i D).m co w sumie daje 9 wariantów. Obecność więcej niż jednej formy w pasmach AAT-1, AAT-2 i AAT-3 zymogramów zdaje się potwierdzać istnienie w komórkach liści pszenicy kilku różnych izoenzymów AAT. Autorzy nie podali, które z form allelicznych będą wybrane do powyższych analiz i dlaczego właśnie te. Proponowany przez autorów zakres badań dostarczy jedynie fragmentarycznych danych, choć oczywiście w zupełności wystarczających na potrzeby pracy doktorskiej

2. Poprawność przyjętych metod badawczych

Planowane do realizacji projektu badawczego metody obejmują (oczyszczanie izoenzymów AAT (opracowanie własnej procedury oczyszczania), sekwencjonowanie białek (spektrometria mas), pomiar kinetyki reakcji enzymatycznej elektroforeza białek w warunkach natywnych i denaturujących, zymografia, ~~setem~~ Southern blotting, sekwencjonowanie DNA, RT-PCR i RT-PCR z analizą w czasie rzeczywistym. Metody zostały dobrane w większości prawidłowo. Wątpliwości budzi jedynie sens oznaczania masy cząsteczkowej natywnego białka AAT za pomocą sączenia molekularnego po pierwszym etapie oczyszczania (wysalanie siarczanem amonu), gdyż uzyskany na tym etapie preparat zawierał będzie jeszcze wiele zanieczyszczeń, zaś pasma AAT-1, AAT-2 i AAT-3 nie będą jeszcze rozdzielone. Pomiar taki będzie niedokładny i zdecydowanie lepiej byłoby przeprowadzić analizę oczyszczonego preparatu białka.

3. Zasadność planowanych kosztów
Harmonogram i kosztorys projektu zostały sporządzone prawidłowo. Planowane wydatki zostały szczegółowo opisane i dobrze uzasadnione.

4. Realna możliwość wykonania projektu
Kierownik projektu ma przeciętny dorobek naukowy (5 prac eksperymentalnych w okresie 2002-2006, Σ IF 5.77), zaś wykonawca (doktorant) jest współautorem 2 prac, z których jedna ukazała się w *J. Appl. Genet.* (czasopismo dopiero od niedawna jest na liście filadelfijskiej, ale bez IF) – autorami są wyłącznie doktorant i kierownik projektu, zaś druga – a *Acta Physiol. Plantarum* (IF 0.38) – praca zespołowa. Autorzy planują wydanie wyników uzyskanych podczas realizacji tego projektu w formie 3 prac eksperymentalnych. Materiał dwóch ostatnich prac lepiej byłoby wydać jako jedną obszerniejszą pracę, co zwiększyłoby szanse na publikację w czasopiśmie o wyższym IF.
Autorzy projektu dysponują odpowiednią aparaturą oraz doświadczeniem (lub szkoleniem) w zakresie większości planowanych metod.

Projekt oceniam jako **bardzo dobry**