

Posudek bakalářské práce „*De novo* sekvenování genomu *Crenicichla semifasciata* technologií Oxford Nanopore“

Úvodní část mi, jakožto oponentu nerybího zaměření, poskytla jasnou a dobře popsanou motivaci pro práci samotnou. Obsáhlá kapitola o historii sekvenování demonstruje autorčin důkladný vhléd do problematiky. Vzhledem k hlavní použité technologii ONT oceňuji detailní popis celého procesu. Pevně věřím, že i laické publikum by po dočtení úvodu dobře chápalo kontext práce. Jako takový tedy hodnotím úvod jako velice zdařilý.

Cíle práce byly jasně stanoveny a logicky vyplývají z potřeb nejen školitelovy laboratoře, ale i širší vědecké komunity.

Sekce „Materiál a metody“ je velmi kvalitně zpracovaným a logicky strukturovaným protokolem, který by bez pochyby umožnil provedené experimenty jednoduše zopakovat. V bioinformatické části velmi oceňuji detailní a transparentní popis software a použitých parametrů. Za nutné považuji zmínit, že takto poctivě vypracovaný informatický protokol často chybí i v článcích impaktivních časopisů a je tedy velmi chvályhodné, že se objevuje již v bakalářské práci. Po metodické stránce zde není co vyknout. Autorka používá velmi aktuální postupy, které viditelně solidně zvládá.

Výsledky práce jsou opět logicky a přehledně strukturovány. Pokud to z textu nevyplyne hned, tak u prohlednutí tabulek čtenáři dojde, kolik práce a opakování autorka absolvovala. Asembláž genomu bohužel ze své podstaty trpí tím, že její výsledky nejdou moc atraktivně vizualizovat a tak oceňuji alespoň demonstraci geneze použitého datasetu. Výsledky obsahují vše co mají.

Diskuze je dobým shrnutím celé práce. Vyzdvihl bych především umírněnost a střízlivost se kterou autorka vyvozuje závěry o kompletnosti výsledné asembláže. Autorka tak prokazuje dobré porozumění základní problematice sestavování genomu. Až na jednu drobnost (adresovanou otázkou č.1) mi v diskuzi nic nechybí. Pokud bych si hodně vymýšlel, tak bych uvítal spojenou tabulku s výstupem sekvenování, dohromady se stavem flowcell, mohla by se hodit pro budoucí experimenty.

Hodnocení:

Adéla Mikešová během své bakalářské práce obsáhla úctyhodné rozpětí velmi rozdílných metod, jak laboratorních tak bioinformatických. Z práce je patrné, že rozumí dané problematice. Musím se přiznat, že bych se vlastně nepozastavil nad tím, kdyby práce obdobného rozsahu byla podána a úspěšně obhájena v magisterském stupni studia. Je nade vše pochyby, že popsané výsledky zcela naplňují stanovené cíle práce a budou velice hodnotným zdrojem pro budoucí výzkum. Srovnání hloubky sekvenování a jeho vliv na složený genom, by podle mého názoru bylo vhodné publikovat, neboť může nabídnout velmi cenné vodítko pro jiné týmy. Práci jednoznačně doporučuji k obhajobě s hodnocením „výborně“.

Dotazy pro případnou diskuzi během obhajoby:

- 1) Která z iterací assembly byla nakonec vybrána jako nejlepší a na základě jakých kritérií?
- 2) Ve fiktivním světě neomezených finančních prostředků, jaké metody či postupy (laboratorní či bioinformatické) by autorka využila ke zlepšení stávající asembláže?