

Posudek oponenta bakalářské práce

Jméno a příjmení uchazeče/ky : Bára Nadvorníková

Název práce:

Normalisation algorithms for spatially resolved transcriptomics data

A. Bodové hodnocení jednotlivých aspektů práce (označte právě jednu z možností)

| 1. Rozsah BP a její členění | |
|-----------------------------|---|
| x | A - přiměřené, odpovídají charakteru BP a významu jednotlivých částí |
| | B - nevyrovnané, členění není logické n. rozsah jednotlivých částí nekoresponduje s jejich významem |
| | C - uspokojivé, rozsah některých částí nedostačuje |
| | N - nedostatečné |

| 2. Odborná správnost | |
|----------------------|---|
| | A - výborná, bez závažnějších připomínek |
| x | B - velmi dobrá, s ojedinělými drobnými závadami (nejasnost výkladu, chyby ve vzorcích nebo chemických názvech, nedokonalý popis metod nebo výsledků) |
| | C - uspokojivá, s četnějšími drobnými závadami |
| | N - nevyhovující, s hrubými chybami |

| 3. Uvedení použitých literárních a j. zdrojů | |
|--|---|
| x | A - bez připomínek, všechny převzaté údaje s citací zdroje, celkový počet citací odpovídá charakteru práce |
| | B - uspokojivé, s občasnými neobratnostmi zejm. v umístění odkazů, nebo s celkově nižším počtem citací |
| | C - s vážnějšími závadami, např. převažují "nestandardní" odkazy na učebnice, přednášky, webové stránky, nebo se ojediněle vyskytuje opominutí odkazu na zdroj převzatých dat |
| | N - nevyhovující, velmi málo citací, ev. rysy plagiátu (časté opomíjení odkazu na zdroj převzatých dat, popř. opsání velkých částí textu) |

| 4. Jazyk práce | |
|----------------|---|
| x | A - výborný, práce je napsána čtivě a srozumitelně, bez závažnějších gramatických n. pravopisných chyb |
| | B - velmi dobrý, ojedinělé stylistické neobratnosti, gramatické n. pravopisné chyby |
| | C - uspokojivý, četnější slohové neobratnosti, gramatické n. pravopisné chyby, ojediněle se vyskytují obtížně srozumitelné n. nejednoznačné formulace |
| | N - nevyhovující, s četnými hrubými chybami |

| 5. Formální a grafická úroveň práce | |
|-------------------------------------|--|
| | A - výborná, bez překlepů a chyb ve formátování |
| x | B - velmi dobrá, ojedinělé chyby formátu citací, překlepy, chybějící zkratky apod. |
| | C - uspokojivá, s ojedinělými většími (např. vynechání stránky) nebo četnějšími drobnými chybami |
| | N - nevyhovující, s četnými hrubými chybami |

Případný slovní komentář k bodům 1. až 5.:

Autorka si vybrala v teoretickej časti pomerne zložitú tému a to zosumarizovanie technológií pre transkriptomiku s priestorovým rozlíšením, ako aj protokolov pre analýzu dát získaných týmito technológiami. Keďže sa jedná o veľmi širokú oblasť a rýchlo vyvíjajúcu sa technológiu, kedy to čo platilo dnes je zajtra neaktuálne, tak zvládnuť to nie je jednoduché. Bolo by veľkým prínosom, ak by autorka pridala grafickú ilustráciu pre diskutované metódy príprav vzoriek, inak sa v zozname rôznych metód dá veľmi rýchlo stratit'.

Ďalej autorka rozoberá nástroje na spracovanie získaných dát. Keďže väčšina nástrojov na spracovanie dát vychádza z pôvodných nástrojov pre analýzu single-cell transcriptomických dát, tak logicky literatúra popisujúca tieto nástroje rozpráva o bunkách a nie o regiónoch. To viedlo z môjho pohľadu ku zámenám medzi používaním pojmov "cell" a "spot" (napr. Kapitola 4.4 je nazvaná "Pooling and deconvolution of cells" a informuje o analýze spotov). Nakoniec to aj autorka samotná si to uvedomuje, keď v kapitole 4 píše o tom, že tieto metódy sú inšpirované metódami zo single-cell analýz.

V istých častiach textu to potom vyznieva tak, že cieľom transkriptomiky s priestorovým rozlíšením je vytvorenie single-cell datasetu so zachovaním priestorovej informácie a pokračovaním "klasickej analýzy". Autorka dokonca na strane 12 uvádza, že je to dokonca nevyhnutnosť u metód, ktoré nemajú rozlíšenie na úrovni jednej bunky. Pri čítaní textu by som potom dokázal nadobudnúť dojem, že kritickým krokom nie je normalizácia dát ale premena priestorovej transkriptomiky na single-cell transkriptomiku. Pritom priestorové transkriptomické dáta aj bez single-cell rozlíšenia majú vysokú hodnotu. Naopak, niektoré analýzy budú lepšie na rozlíšení menšom ako bunka – napr. autorkou spomínané neuróny. Autorka si bude musieť dávať pozor na takéto zámeny.

Obsahuje-li práce i vlastní výsledky uchazeče/ky (nejsou povinnou součástí práce), pak prosíme o Vaše stanovisko k následujícímu:

Jsou řádně stanoveny a vysvětleny cíle experiment?

Ak sa testovanie normalizačných prístupov považuje za experiment, tak ciele nikde neboli stanovené, alebo som ich nedokázal nájsť.

Je množství experiment adekvátní k cílům?

Nemôžem hodnotiť.

Je dokumentace výsledků dostačující?

Áno.

Jsou výsledky diskutovány a zasazeny do kontextu existující literatury?

Nie som si istý, či existuje štúdia porovnávajúca tieto nástroje a tak neviem či mala autorka dostupnú nejakú existujúcu literatúru. Práve preto výsledky neboli porovnávané s existujúcou literatúrou.

Případný další slovní komentář k výsledkům autora:

V metódach som narazil na rovnaký problém a to používanie nástrojov a postupov vytvorených pre single-cell transcriptomiku použitých pre priestorovu transkriptomiku. Nie som si istý, či kontrola kvality a odstránenie spotov použitím kritérií pre single-cell analýzy sú rovnako dobré a vhodné pre priestorovú transkriptomiku. V budúcnosti bude potrebné sa viac zamerať na to, čo je spoločné a odlišné medzi dátami týchto dvoch prístupov a ktoré nástroje a prístupy môžu byť zdieľané a ktoré nie.

B. Obhajoba

Dotazy k obhajobě (povinná část posudku)

Tak ako kedysi sa normalizačné stratégie vytvorené pre microarray začali používať pre bulk RNA-Seq, kým sa neobjavili ich nedostatky. Tak potom sa používali bulkRNA-Seq nástroje pre single-cell RNA-Seq, kým sa nevytvorili lepšie a vhodnejšie. Tak teraz sa používajú nástroje vytvorené pre single-cell RNA-Seq na analýzu priestorových dát. Čo si autorka myslí, sú tieto nástroje na normalizáciu dát z single-cell RNA-Seq bezchybné pre analýzu dát z transcriptomiky s priestorovým (ale nie jednobunkovým) rozlíšením? Kde autorka vidí základný rozdiel v charaktere single-cell a priestorových dát v kontexte ich normalizácie (ak ho niekde vidí)?

Ak by si mala autorka vybrať jedinú metódu/nástroj pre spracovanie týchto dát, ktorý by to bol a prečo?

Stanovisko k opravě chyb v práci:

opravný lístek/oprava v textu **JE** / **NENÍ** (zakroužkujte) podmínkou přijetí práce

C. Celkový návrh

Práci **doporučuji** k přijetí k dalšímu řízení: **ANO** / **NE**

Navrhovaná celková klasifikace

Datum vypracování posudku: 1.6.2023

Jméno a příjmení, podpis oponenta (SIS):

Pavel Abaffy

Instrukce pro vypracování a odevzdání posudku:

- Pro vypracování posudku bakalářské práce použijte tento formulář.
- Posudek můžete sami vložit do SIS, anebo s předstihem zaslat v elektronické podobě na adresu: marian@natur.cuni.cz, a dále zajistit dodání podepsaného originálu (v 1 výtisku, jako součást protokolu o obhajobě) na sekretariát Katedry buněčné biologie PřF UK (p. Růžičková), Viničná 7, 128 44 Praha 2. Podepsaný originál posudku musí být dodán před vlastní obhajobou, bez něho nesmí být obhajoba zahájena!
- Student by měl být s posudkem seznámem nejméně tři dny před obhajobou – posudek mu můžete poslat Vy nebo Váš přepošleme.