

Oponentský posudek disertační práce

Student: Mgr. Jakub Rídl

Název práce: Metagenomické profilování bakteriálních společenstev

Oponent: Ing. Petr Novák Ph.D.

Pracoviště oponenta: Biologické Centrum AV ČR, České Budějovice

Předložená disertační práce Jakuba Rídlu obsahuje úvod, cíle, tři kapitoly s výsledky práce a závěry. Cílem práce je sekvenace genomu a transkriptomu několika bakteriálních druhů a bakteriálních společenstev, assembly a následná funkční analýza s ohledem na metabolomické vlastnosti a vliv prostředí.

Úvod popisuje systematicky současné přístupy studia mikroorganismů metodami sekvenování nukleových kyselin. Zvláštní pozornost je věnována přehledu dostupných bioinformatických metod pro zpracování a analýzu sekvenačních dat. Tuto část práce považují za zdařilou a autor v ní prokázal znalosti dané problematiky.

Výsledky samotného výzkumu jsou rozděleny do tří kapitol. První kapitola popisuje způsob stanovení assembly bakteriálního genomu *Achromobacter xylosoxidans* A8. Druhá kapitola se zabývá analýzou bakteriálního společenstva ekosystému důlní vody a assembly jednotlivých genomů. Poslední část výzkumu využívá metod srovnávací metagenomiky ke stanovení vlivu rostlin na složení bakteriálních komunit.

Z výsledků je zřejmé, že autor splnil definované cíle a dokázal využít široké spektrum bioinformatických metod k dosažení původních výsledků, které byly publikovány v peer review vědeckých časopisech.

K provedení práce mám několik připomínek:

- Grafická kvalita použitých obrázků a tabulek je nedostatečná a v některých případech je kvalita obrázků natolik špatná, že snižuje jejich informační hodnotu (např. nečitelné taxony v obr 5.4).
- Seznam referencí je neúplný, chybí například Kulikova et al. 2004, Miyazaky et al., 2004 (odkazy na str. 25). U reference Strnad et al. chybí rok (str.112)

- Na straně 79 jsou uvedeny špatně odkazy na obrázky 5.2a, 5.2b, 5.3.
- Obrázek 5.5 na str. 83 nepovažuji za vhodnou vizualizaci výsledků, rozdíly mezi vzorky jsou špatně pozorovatelné, navíc legenda obsahuje více COG kategorií, než je zobrazeno ve sloupcích a barvy jsou špatně rozlišitelné.
- Seznam zkratk by měl být řazen abecedně.

Dotazy oponenta k obhajobě disertační práce

- Na str. 85 jsou diskutovány výhody a nevýhody amplikonového a shotgunového sekvenování. Autor píše „...mezi potenciální nedostatky shotgun přístupu patří menší hloubka pokrytí a případné nezachycení málo četných taxonů...“. Prezentované výsledky na str. 82 obr. 5.4 však ukazují, že shotgunový přístup vedl k identifikaci výrazně většího množství taxonů než přístup amplikonový. Mohl by autor ukázat, jaká je statistická shoda, případně rozdíly mezi amplikonovým a shotgunovým přístupem, ve smyslu celkového množství a druhů identifikovaných taxonů a taxonů, kde byly detekovány signifikantní změny při párovém porovnání?
- Byla nějakým způsobem testována možnost vzniku chimérických kontigů při assembly z metagenomických dat?
- Roztřídění sestavených sekvencí popsaných v kapitole 4.2.3 bylo provedeno pomocí několika metod. Jaká je souvislost mezi čtyřmi grafy z obr. 4.3b a výsledným roztríděním do tří skupin v tabulce 4.5? V tab. 4.5 je rovněž ukázáno, že více než dvě třetiny složených sekvencí mají průměrnou hloubku pokrytí více než 80. To však neodpovídá pokrytí znázorněnému na obr 4.3. Může autor vysvětlit tento rozpor?

Závěr

Mgr. Jakub Rídl ve své práci prokázal tvůrčí vědecké schopnosti, je autorem či spoluautorem článků publikovaných v časopisech s IF a získal kvalitní originální výsledky. Domnívám se, že předložená práce splňuje požadavky standardně kladené na disertační práce v oboru a proto doporučuji její postoupení k obhajobě.

V Českých Budějovicích 15. 8. 2016

Ing. Petr Novák, Ph.D