

## Oponentský posudek disertační práce

V předložené disertační práci na téma: “Detection of Repetitive Sequences in Genomes” autorka Ing. Janka Puterová postupně prezentuje (1) své motivace ke studiu repetitivních sekvencí v genomech prokaryotních a eukaryotních organismů; (2) teoretický úvod do problematiky v němž stručně shrnuje biologickou podstatu repetitivní DNA a poté věcně a důkladně popisuje metodiku přístupů k její detekci; (3) z popisu dostupných metod a nástrojů jasně formuluje některé jejich nedostatky a některé z nich řeší/odstraňuje ať už “down-stream” analýzou výstupů z dostupných nástrojů (např. RepeatExplorer) nebo přímo vývojem nástroje vlastního – digIS. Výstupy své práce dokládá řadou čtyř impaktovaných publikací na jejichž vzniku se různou měrou podílela.

### 1. Odpovídá námět práce oboru disertace a je aktuální z hlediska současného stavu vědy?

Ano. Problematika identifikace repetitivních sekvencí spolu s neuvěřitelně rychlým vývojem sekvenačních technologií je víc než aktuální a vývoj nových metodických postupů a nástrojů je nezbytný.

### 2. Vykazuje práce původní přínosné části? V čem spatřujete originální přínos.

Nejoriginálnějším výstupem předkládané disertace je nástroj digIS na detekci “insertion sequence elements” u prokaryotních (jednobuněčných) organismů. Jak autorka sama popsala, doposud dostupné nástroje jsou schopny detekovat “pouze” elementy na bázi sekvenční homologie se známými, referenčními zástupci z databází. Hlavním originálním přínosem je potom schopnost nového nástroje digIS detekovat i nové elementy, sekvenčně vzdálenější těm referenčním. Mimo to používá nový přístup k přesnější detekci a hlavně anotaci monomerů satelitní DNA na základě nového přístupu k zpracování dat získaných pomocí populárního nástroje RepeatExplorer.

### 3. Bylo jádro disertační práce na potřebné úrovni publikováno?

Ano, jako výstupy disertační práce autorka uvádí čtyři publikace s průměrným IF 3.7. Z procent podílu na její participaci vyplývá, že na jejich vzniku významně podílela (75, 50, 40 a 10 %). K tomu je navíc spoluautorkou další páté publikace s IF 3.696.

### 4. Vyplývá ze seznamu vědecké činnosti uchazečky, že se jedná o pracovníci s vědeckou erudicí?

Ano, viz. předchozí body. K tomu bych chtěl ocenit precizně popsaný a aktuálními pracemi očitovaný přehled přístupů k identifikaci repetitivních sekvencí v úvodu disertační práce.

Návrhy doplňujících otázek k ohajobě:

1. V kapitole 3.2 autorka píše, že dostupné nástroje založené na “signature-based” přístupu detekce transpozonů mají mimo jiné problém při rekonstrukci elementů fragmentovaných insercí jiných elementů (tzv. “nesting”). Jsou nějaké nástroje, které se zaměřují přímo na tuto problematiku?
2. Proč v práci Jesionek et al. (2021) autorka nepoužila stejný postup identifikace satelitní DNA, který vyvinula v předchozí práci na jiném druhu dvojdomé rostliny (Puterová et al., 2017) a na místo toho použila nástroje Tandem Repeat Finder a Tandem Repeats Analysis Program?

Závěrem konstatuji, že formální náležitosti vyhovují obvyklým požadavkům. Svoji náplní a výsledky disertační práce Ing. Janka Puterová, prokazuje schopnost a připravenost k samostatné činnosti v oblasti výzkumu nebo vývoje ve smyslu zákona o vysokých školách (č. 111/1998 Sb., § 47, odst. 4).

**Proto doporučuji, aby jí, po úspěšné obhajobě byl udělen akademický titul “doktorka (Ph.D.)”.**

V Brně, dne 12. listopadu, 2021.  
Ing. Pavel Jedlička, Ph.D.