

Posudek na bakalářskou práci	
<input type="checkbox"/> školitelský posudek <input checked="" type="checkbox"/> oponentský posudek	Jméno posuzovatele: Vojtěch Žárský Datum: 5.6.2014
Autor: Monika Bláhová	
Název práce: Analýza genové exprese metodami sekvenace nové generace	
<input checked="" type="checkbox"/> Práce je literární rešerší ve smyslu zveřejněných požadavků (pravidel). <input type="checkbox"/> Práce obsahuje navíc i vlastní výsledky.	
Cíle práce (předmět rešerše, pracovní hypotéza...)	
<p>Po krátkém historickém úvodu do vývoje technik sekvenace nukleových kyselin podává práce přehled moderních sekvenačních metod které se v současnosti používají pro analýzu genové exprese, včetně exprese na úrovni jedné buňky. Srovnávají jsou specifika a výhody popř. nevýhody daných metod.</p>	
Struktura (členění) práce: Práce je členěna přehledně.	
Jsou použité literární zdroje dostatečné a jsou v práci správně citovány? Použil(a) autor(ka) v rešerši relevantní údaje z literárních zdrojů? Vzhledem k charakteru práce je použita řada elektronických zdrojů. Zdroje jsou v práci správně citovány.	
Pokud práce obsahuje (nadstandardně) i vlastní výsledky, jsou tyto výsledky adekvátním způsobem získány, zhodnoceny a diskutovány? Práce neobsahuje vlastní výsledky.	
Formální úroveň práce (obrazová dokumentace, grafika, text, jazyková úroveň): Celková úroveň textu není zcela dobrá. V textu jsem našel řadu gramatických chyb (včetně i/y). Některé obrázky (např. Obrázek 7) mají příliš nízké rozlišení. Je nevhodně zvolený formát citací - citace v textu obsahují až pět jmen. Text bývá nepřehledný a zvláště popisy sekvenačních metod je náročné sledovat. (Např. na str. 17 u popisu SOLiD metody je pomínut krok připojení fragmentů DNA na magnetické kuličky.)	
Splnění cílů práce a celkové hodnocení:	
Cíle práce byly splněny, avšak z důvodu formálních i drobných faktických chyb hodnotím práci pouze jako velmi dobrou.	
Otázky a připomínky oponenta: V posledním odstavci kap. 2.1 píšete o analýze dat z Illuminy a myslím, že jste zaměnila pojmy "read" a "kontig". Jaký je v těchto pojmech rozdíl?	

Při popisu SOLiD metody zmiňujete dva odlišné způsoby přípravy cDNA knihoven. Jaký je v nich rozdíl a pro jaké aplikace se která z nich hodí?

V závěru vyzdvihujete Illuminu jako nejlepší současnou platformu pro sekvenaci transkriptomu. Při *de-novo* assembly transkriptomů se však často používá Illumina spolu s 454 platformou. Proč tomu tak je?

Návrh hodnocení školitele nebo oponenta (bude zveřejněn)

výborně velmi dobře dobře nevyhověl(a)

Podpis školitele/opponenta: