

**SOUHLASÍ
S ORIGINÁLEM**

HODNOCENÍ BAKALÁŘSKÉ PRÁCE

Vedoucí BP

Západočeská univerzita v Plzni
Fakulta aplikovaných věd
katedra kybernetiky

Jméno bakaláře: Adam Vonášek

Garantující katedra: KKY

Název bakalářské práce: Citlivostní analýza metod identifikace haplotypů

	Předmět hodnocení	Nadprůměrné	Průměrné	Podprůměrné
1	Jazyková a grafická úprava	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
2	Samostatnost zpracování tématu BP	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
3	Vhodnost použitých metod	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
4	Způsob zpracování a vyhodnocení	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
5	Správnost získaných výsledků	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
6	Vlastní přínos	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
7		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Doplnění hodnocení, připomínky, dotazy:

Student se zabýval analýzou dvou nejčastěji v biomedicině užívaných metod identifikace haplotypů. Pro jejich implementaci bylo třeba porozumět dané problematice. Teoretická část je zpracována přehledně, i když některé věty jsou interpretovány "krkolomně". Ani terminologie není zcela ujednocena. V práci lze nalézt části textu evokující neporozumění zpracovávané problematice (jako např.: "... sérologická úroveň molekulární typizace..." či "... důvodem, proč high resolution nevyužívám, je vysoká složitost a obtížná zpracovatelnost NMDP kódů.").

Vlastní část implementace a analýzy Clarkova a EM algoritmu je srozumitelná. Autor v práci využil pro ilustraci přístupů pseudokódu, uvedl konkrétní příklady včetně ukázek výstupů daných algoritmů. Provedl shrnutí pro celý datový soubor, včetně porovnání obou metod identifikace haplotypů a to jak z hlediska korektnosti získaných výsledků, tak z hlediska algoritmické složitosti a implementační náročnosti. Bohužel však uvedené závěry nejsou v některých případech podloženy fakty, což výrazně snižuje jejich srozumitelnost a bez hlubokých znalostí problematiky nelze ověřit jejich správnost.

Vzhledem k výše uvedenému práci hodnotím velmi dobře.

Pozn: Shoda při kontrole plagiátorství byla nižší než 5%, jednalo se o části definičního typu se správně uvedenou citací.

Otázky:

1. Kdy je možné s naprostou přesností identifikovat konkrétní haplotypy?
2. V práci máte uveden popis nízkého a vysokého rozlišení molekulárně genetické typizace, ale využíváte i pojem střední. Vysvětlíte daný pojem.
3. Jaký je rozdíl mezi genetickou rekombinací a mutací? Který z vámi implementovaných algoritmů by byl pro dané případy vhodnější a proč?

Splnění bodů zadání	<input checked="" type="checkbox"/> úplně	<input type="checkbox"/> částečně	<input type="checkbox"/> nesplněno
Doporučení práce k obhajobě	<input checked="" type="checkbox"/> ano		<input type="checkbox"/> ne
Celkové hodnocení práce	<input type="checkbox"/> výborně	<input checked="" type="checkbox"/> velmi dobře	<input type="checkbox"/> dobře <input type="checkbox"/> nevyhověl
Jméno, příjmení, titul vedoucího BP: Ing. Lucie Houdová, Ph.D.			
Pracoviště vedoucího BP: NTIS			

12.6.2014

Datum

Houdová

Podpis

**SOUHLASÍ
S ORIGINÁLEM**