

Vysoké učení technické v Brně

Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií

Technická 3058/10, 61600 Brno 16

Oponentní posudek diplomové práce

Ústav: Ústav biomedicínského inženýrství
Akademický rok: 2012/13
Student(ka): **Bc. Ivana Hrazdilová**
Studijní program: Biomedicínské inženýrství a bioinformatika (N3952)
Studijní obor: Biomedicínské inženýrství a bioinformatika (3901T050)
Vedoucí diplomové práce: **doc. RNDr. Kejnovský Eduard CSc.**
Oponent diplomové práce: **Ing. Radim Čegan, Ph.D.**

Název diplomové práce:

Analýza dat ze sekvenování příští generace ke studiu aktivity transposonů v nádorových buňkách

Celkové hodnocení diplomové práce:

Předloženou diplomovou práci doporučuji k obhajobě.

Celkový počet bodů: 90.

Slovní hodnocení:

Diplomová práce Bc. Ivany Hrazdilové zaměřená na studium aktivity transposonů v nádorových buňkách představuje velice zajímavé a atraktivní téma jak z pohledu biologie, tak bioinformatiky.

Po formální stránce je práce prostá výraznějších chyb či překlepů, avšak v některých částech postrádám odkazy na původní vědecké práce a odkazy na obrázky.

V literární rešerši je podrobně popsána charakteristika transposonů, nemoci způsobené jejich aktivitou, masivní paralelní sekvenování a bioinformatické přístupy využívané k analýzám sekvenačních dat. Tato část práce je však až příliš rozsáhlá, přínosnější by bylo věnovat více prostoru k prezentaci samotných výsledků, jejich interpretaci a diskuzi.

Při zpracování sekvenačních dat a jejich analýze se studentka zvládla za krátký čas naučit a použít velké množství aplikací, které dokázala mezi sebou smysluplně propojit. A také se seznámila s prací na serverech, zejména MetaCentra, kde byly spuštěny všechny náročnější operace. Mezi přednosti práce patří také použití vlastních skriptů. I přesto, že nebyly použity vlastní data je tato diplomová práce dobrým výchozím bodem pro další analýzy podobného charakteru.

V průběhu obhajoby či následné diskuzi bych uvítal odpověď na následující dotazy a připomínky.

Otázky k obhajobě:

Proč bylo odstraněno prvních 13 bází z readů? Je zbývající délka readů (20 bp a 29 bp) pro mapování ještě dostatečná?

Jsou známy nějaké geny související s rakovinou prostaty či tlustého střeva? Pokud ano, zkoušela jste se podívat i na jejich expresi, případně na expresi transposonů v jejich blízkosti?

V práci byla použita data z SRA archivu. Zabývali se autoři v původních studiích také aktivitou transponů? Pokud ano, čím se liší autorkou práce použité metody stanovení exprese transponů od postupů v původních studiích prezentujících použitá data? Shodují se autorčiny závěry s výsledky těchto studií?

Z přílohy A je zřejmé, že v anotacích transponů jsou zahrnuty i velmi krátké úseky. Byly použity i pro stanovení exprese? Pokud ano, je možné, aby byly takto krátké úseky transkripčně aktivní? Byly tyto krátké úseky správně namapovány? Zvážila autorka použití pouze transponů průměrných délek?

Čím si autorka vysvětluje, že u rakovinných buněk tlustého střeva byla exprese jednotlivých rodin transponů shodná či dokonce nižší než u normálních buněk? (viz. Příloha C)

Radim Čegan
Oponent diplomové práce