

Posudek oponenta

Autor práce: Martina Paprskářová

Název práce: Cross-species amplifikace mikrosatelitů z řádu brodiví u marabu afrického

Typ práce*: bakalářská

	Kritérium hodnocení	Hodnocení						
		A	B	C	D	E	F	nelze hodnotit
1	rozsah práce, vyváženost rozsahů jednotlivých částí a jejich strukturovanost	X						
2	kvalita literární rešerše (např. množství použitých původních pramenných zdrojů, vhodnost výběru)		X					
3	naplnění cílů podle zadání práce a poznatků z literární rešerše	X						
4	správnost a úplnost legend u obrázků a tabulek (např. srozumitelnost bez zřetele k ostatnímu textu, vysvětlení značek, jednotky uváděných veličin)	X						
5	správnost používání citačních odkazů (např. přítomnost necitovaných údajů, dodržování jednotného stylu citací)	X						
6	výstižnost souhrnu práce v českém a anglickém jazyce	X						
7	grafická úprava textu a obrázků	X						
8	jazyková a stylistická úroveň, respektování platné nomenklatury a terminologie	X						
9	volba vhodných experimentálních metod	X						
10	srozumitelnost a výstižnost popisu používaných metod	X						
11	úroveň zpracování experimentálních dat		X					
12	adekvátnost interpretace dílčích experimentálních dat	X						
13	diskuze (souhrn získaných výsledků a jejich začlenění do kontextu dosavadního výzkumu)	X						

Poznámka 1: Pokud charakter práce nedovoluje použít některé z Kriterií hodnocení, použijte sloupec "nelze hodnotit"

Poznámka 2: Hodnocení křížkujte

Poznámka 3: Do výsledné známky se započítávají jen hodnotitelné položky

*- doplňte „bakalářská“ nebo „diplomová“

Známka	A
---------------	---

Konkrétní připomínky a dotazy (možno připojit samostatný list), slovní zhodnocení proč oponent hodnotil tímto způsobem (zejména při horším známkování)

Bakalářská práce M. Paprskářové byla kvalitně zpracována. Rešerše je čtivě psaná, přehledná a obsahově vyvážená. Práce je i metodologicky zvládnutá s adekvátními výsledky a diskusí. K literárnímu přehledu mám několik doplňujících dotazů:

1. Jaký je podíl repetitivních sekvencí v genomech ptáků?
2. Jak velké jsou genomy ptáků; příklady, nejlépe brodiví a jejich srovnání s ostatními skupinami?

3. Jdou z velikosti genomů či podílů repetitivních sekvencí v ptačích genomech odvodit nějaké evoluční procesy a fylogenetické vztahy mezi páky?

Vzhledem k tomu, že bakalářská práce je v podstatě metodologická, mám dotaz na uplatnění výsledků této práce, konkrétně na jejich využití v základním výzkumu zaměřeného na genetickou diverzitu marabu afrického či v programech ochrany druhů nebo v chovech.

Závěr: práci doporučuji k obhajobě

V Olomouci dne: 14.5. 2012

Podpis: doc. RNDr. Vladan Ondřej, Ph.D.