

Průběh obhajoby – A21B0440P SOUKUPOVÁ Barbora

Úvod do problematiky,

DNA sekvenování - metody,

Motivace, Cíle práce, Metodologie, Rešerše,

Rozdělení datové pipeline do 4 kroků + Závěr,

Je skutečně tomu tak, že druhá řádka formátu FASTA obsahuje samotnou nukleotidovou sekvenci?

V jakých aplikacích RNA analýz je vždy lepší využít standardní sekvenovací techniky a kdy je nutné využít long-read metodiky?

Stupňuje se náročnost vytváření vlastních bioinformatických pipelines se stupňující se pokročilostí technologií anebo je to spíše naopak a bioinformatická řešení jsou nejvíce náročná pro nejstarší typy sekvenování jako je Sangerovo sekvenování?

Klasifikace – výborně

Datum obhajoby – 20.6.2023