

Posudek oponenta diplomové práce

Student: Hon Jiří, Ing.

Téma: Vyhledávání příbuzných proteinů s modifikovanou funkcí (id 17337)

Oponent: Bendl Jaroslav, Ing., UIFS FIT VUT

- 1. Náročnost zadání** **obtížnější zadání**
Obtíže spočívají v rozsáhlé studijní etapě, z implementačního hlediska práci považuji za průměrně náročnou. Zadání však poskytuje studentovi dostatečný prostor pro práci nad základní rámec požadavků, čehož bylo částečně využito.
- 2. Splnění požadavků zadání** **zadání splněno**
Zadání bylo splněno v celém rozsahu.
- 3. Rozsah technické zprávy** **splňuje pouze minimální požadavky**
Rozsah práce je na hranici stanoveného minima. Zatímco kapitoly popisující vlastní činnost (návrh, implementace, experimenty) jsou dostatečně popsány a tvoří více než polovinu celkové délky, teoretické kapitoly mohly být vhodně rozšířeny, viz bod (4).
- 4. Prezentací úroveň předložené práce** **80 b. (B)**
Práce má dobrou logickou strukturu a jednotlivé části na sebe navazují. Text je pochopitelný a čtivý. Teoretická část práce však mohla být delší. Chybí zde stručná charakteristika a popis principu činnosti některých integrovaných nástrojů (CASTp, Caver, TemplateFinder, ...), případně teorie spojená s formátem proteinových struktur (PDB / mmCIF) či hierarchickým členěním struktur (rodina / podrodina).
- 5. Formální úprava technické zprávy** **95 b. (A)**
Po typografické i jazykové stránce je zpráva na vynikající úrovni, byly zaznamenány pouze 2 překlepy.
- 6. Práce s literaturou** **95 b. (A)**
Výběr publikací je k řešenému tématu relevantní a publikace jsou z textu vhodně odkazovány. Čerpáno je především z velmi kvalitních časopiseckých publikací. Jedinou připomínku bych měl k citaci on-line zdroje [34], namísto kterého měla být uvedena spíše existující časopisecká publikace, a také nedohledatelnému zdroji [41].
- 7. Realizační výstup** **99 b. (A)**
Výstupem práce je bioinformatická platforma pro identifikaci enzymů s potenciálně zajímavými vlastnostmi. Práce byla sice realizována nad hotovou platformou LoschmidtCommons, rozsah rozšíření však překračuje 4000 řádek kódu v jazyce Java, které jsou navíc pečlivě a výstižně komentovány. Oceňuji rovněž zpřístupnění hotové platformy v podobě virtuálního stroje s veškerým nainstalovaným software.
- 8. Využitelnost výsledků**
Přímá využitelnost výsledků v cílové komunitě je zajištěna tím, že realizační výstup vznikl ve spolupráci s experty z Loschmidtových laboratoří, na jimiž používané rodině enzymů byl také testován.
- 9. Otázky k obhajobě**
 - Na základě jakých parametrů byly vybrány nástroje integrované do jednotlivých kroků algoritmu (Caver pro vyhledání tunelů, CASTp pro detekci kapes atd.)?
 - Nakolik je současná platforma připravena pracovat s jinými rodinami enzymů než jsou haloalkan dehalogenázy? Dovedete odhadnout, nakolik je příprava vstupních dat pro uživatele náročná?
- 10. Souhrnné hodnocení** **95 b. výborně (A)**
Diplomant navrhl a implementoval novou bioinformatickou platformu pro proteinové inženýrství. Práce měla značně inovativní charakter, realizace i výstupy byly precizně popsány v textu. O kvalitě svědčí mj. i zařazení souvisejícího konferenčního příspěvku mezi dvanáct prezentovaných prací v rámci soutěže Excel@FIT. Z výše uvedených důvodů doporučuji komisi zvážit nominaci práce do soutěže ACM SPY.

V Brně dne: 4. června 2015

.....
podpis