

## Posudek oponenta diplomové práce

**Student:** Chlupová Hana, Ing.  
**Téma:** Predikce homologních sekvencí proteinů (id 17336)  
**Oponent:** Bendl Jaroslav, Ing., UIFS FIT VUT

1. **Náročnost zadání** **obtížnější zadání**  
Obtíže spočívají v rozsáhlé studijní etapě a složitém návrhu experimentů, kdy bylo nutné vymyslet vlastní evaluační kritéria. Z implementačního hlediska práci považuji za průměrně náročnou.
2. **Splnění požadavků zadání** **zadání splněno**  
Zadání bylo splněno v celém rozsahu.
3. **Rozsah technické zprávy** **je v obvyklém rozmezí**  
Diplomová práce je v obvyklém rozsahu.
4. **Prezentační úroveň předložené práce** **85 b. (B)**  
Technická zpráva má logickou strukturu a poměr teoretického úvodu, rozboru zadání a prezentace vlastního řešení je vyvážený. Menší nedostatky spatřuji v teoretickém úvodu, v němž diplomantka dostatečně nevysvětlila některé, pro práci zásadní, pojmy - např. sekvenční profil.
5. **Formální úprava technické zprávy** **75 b. (C)**  
Práce byla psána ve slovenském jazyce, zhodnocení gramatické správnosti proto nedokáži provést. Z typografického hlediska práci chybí jednotná úprava a vyskytuje se v ní řada drobných chyb.
6. **Práce s literaturou** **75 b. (C)**  
Výběr literatury celkem dobře pokrývá řešenou problematiku a je tvořen zejména články z kvalitních odborných časopisů v kombinaci s učebnicemi a lokálními studijními materiály. Některé zdroje jsou však špatně citované.
7. **Realizační výstup** **95 b. (A)**  
Realizační výstup má podobu aplikace s grafickým rozhraním. K implementaci byl použit jazyk Java, rozsah zdrojového kódu přesahuje 6000 řádků. Kód obsahuje pouze malé množství komentářů, což by znesnadnilo jeho potenciální budoucí použití či rozšíření. Na druhou stranu oceňuji zpřístupnění hotové platformy v podobě virtuálního stroje s veškerým nainstalovaným software a také existenci manuálu k použití.
8. **Využitelnost výsledků**  
V současné podobě spatřuji hlavní význam práce v komplexním porovnání výkonnosti testovaných metod při jejich různém nastavení. Taková studie má značnou hodnotu, jelikož řada bioinformatiků používá ve svých analýzách pouze základní BLAST a jinému řešení se vyhýbají - i proto, že věrohodné srovnání s alternativami dosud chybělo. Jako nástroj je použití virtuálního stroje poněkud těžkopádné a vhodnější by byla implementace ve formě webové služby.
9. **Otázky k obhajobě**
  - Současná evaluační metrika odvozená od shody strukturního foldu se zdá býti důmyslně navržena. Zvažovali jste použití alternativních metrik? Dovedete odhadnout, jak by pak takové srovnání vypadalo?
  - Na základě jakých parametrů výběru byl pro strukturní zarovnání zvolen program TM-align?
10. **Souhrnné hodnocení** **85 b. velmi dobře (B)**  
Diplomantka navrhla a implementovala nástroj zodpovědný za výběr a aplikaci optimální metody hledání homologů k uživatelem definované proteinové sekvenci a sadě vstupních parametrů. Práce měla značně inovativní charakter, jelikož rozsahem podobná studie dosud neexistovala. Implementace je na vysoké úrovni, technická zpráva však jen lehce nadprůměrná s řadou drobných typografických chyb.

V Brně dne: 4. června 2015

.....  
podpis