

I. IDENTIFIKAČNÍ ÚDAJE

Název práce:	Automatická anotace nekódujících RNA
Jméno autora:	Lucie Mühlfeitová
Typ práce:	diplomová
Fakulta/ústav:	Fakulta elektrotechnická (FEL)
Katedra/ústav:	Katedra počítačů
Oponent práce:	Ing. Michaela Dostálová Merkerová, Ph.D.
Pracoviště oponenta práce:	Ústav hematologie a krevní transfuze

II. HODNOCENÍ JEDNOTLIVÝCH KRITÉRIÍ

Zadání <i>Hodnocení náročnosti zadání závěrečné práce.</i> Z mého úhlu pohledu se jedná o náročnější zadání práce zejména co se týče jeho mezioborového charakteru a dále také z hlediska komplexity několika druhů dat (genová exprese + sekvenční informace o molekulách piRNA, TE a protein kódujících genů). Navíc, v současné době není v literatuře dostupných příliš mnoho metodických postupů k analýze u těchto typů molekul.	náročnější
Splnění zadání <i>Posuďte, zda předložená závěrečná práce splňuje zadání. V komentáři případně uveďte body zadání, které nebyly zcela splněny, nebo zda je práce oproti zadání rozšířena. Nebylo-li zadání zcela splněno, pokuste se posoudit závažnost, dopady a případně i příčiny jednotlivých nedostatků.</i> Závěrečná práce splnila všechny body zadání, tak jak jsou v úvodu uvedeny.	splněno
Zvolený postup řešení <i>Posuďte, zda student zvolil správný postup nebo metody řešení.</i> Metodika funkční anotace piRNA molekul byla vybrána vhodně, autorka se inspirovala postupy publikovanými v odborné literatuře pracujícími s podobnými typy biologických dat. Protože první zvolené přístupy k problematice neposkytly signifikantní výstupy, autorka dále testovala metody jejich optimalizace.	správný
Odborná úroveň <i>Posuďte úroveň odbornosti závěrečné práce, využití znalostí získaných studiem a z odborné literatury, využití podkladů a dat získaných z praxe.</i> Odbornost závěrečné práce je na standartní úrovni, autorka dostatečně využila svých znalostí a vhodně čerpala ze současné odborné literatury, tak jak bylo to charakter práce vyžadoval.	B - velmi dobře
Formální a jazyková úroveň, rozsah práce <i>Posuďte správnost používání formálních zápisů obsažených v práci. Posuďte typografickou a jazykovou stránku.</i> Práce je po formální i jazykové stránce v pořádku. Je psána v anglickém jazyce, srozumitelně s minimem chyb či překlepů. Oceňuji typografickou stránku dokumentu. Rozsah práce by myslím mohl být o něco větší, práce má celkem 63 stran (z toho je 20 stran teoretický úvod, 32 stran praktická část, 2 strany závěr).	A - výborně
Výběr zdrojů, korektnost citací <i>Vyjádřete se k aktivitě studenta při získávání a využívání studijních materiálů k řešení závěrečné práce. Charakterizujte výběr pramenů. Posuďte, zda student využil všechny relevantní zdroje. Ověřte, zda jsou všechny převzaté prvky řádně odlišeny od vlastních výsledků a úvah, zda nedošlo k porušení citační etiky a zda jsou bibliografické citace úplné a v souladu s citačními zvyklostmi a normami.</i> Autorka cituje celkem 46 informačních zdrojů, a to jak publikací molekulárně genetických, tak výpočetních. Z velké většiny se jedná o recentní zdroje z posledních několika let. Bibliografické citace jsou úplné a v souladu s citačními zvyklostmi a	B - velmi dobře

normami. V molekulární části rešerše bych uvítala o něco důslednější citování původních experimentálních prací, a nikoliv až následných review shrnujících původní výzkumy.

Další komentáře a hodnocení

Vyjádřete se k úrovni dosažených hlavních výsledků závěrečné práce, např. k úrovni teoretických výsledků, nebo k úrovni a funkčnosti technického nebo programového vytvořeného řešení, publikačním výstupům, experimentální zručnosti apod.

Co se týče výsledků závěrečné práce, jejich využití pro konkrétní molekulární projekt je relativně omezené s ohledem na malé množství identifikovaných významných piRNA molekul. Toto bylo ale nejspíše způsobeno kombinací několika faktorů na úrovni vstupních dat a nebylo možné studentkou příliš ovlivnit. (K tomuto bodu pokládám otázku níže.) Je možné, že úroveň dosažených výstupů by byla vyšší, pokud by práce nebyla limitována časovou náročností a výkonností počítače a s tím související potřebou zjednodušení vstupního souboru dat.

Chybí mi o něco širší diskuze nad výstupy práce, jejich zhodnocení jak z hlediska výpočetního, tak alespoň v minimální míře také z biologického úhlu pohledu. Práce obsahuje pouze dvoustránkové shrnutí studie na konci textu.

III. CELKOVÉ HODNOCENÍ, OTÁZKY K OBHAJOBĚ, NÁVRH KLASIFIKACE

Závěrečná práce se zabývala aplikací výpočetních metod pro identifikaci biologicky relevantních nekódujících molekul a jejich funkční anotaci u konkrétního typu nádorového onemocnění. Autorka pracovala na moderním tématu využití počítačového modelování komplexních dat pro biologické účely a prokázala silnou mezioborovou orientaci, což je hlavní předností celé práce.

Práce je jasně a čtivě sepsána, a to jak v teoretickém úvodu biologického charakteru, tak ve výpočetní výsledkové části. Postrádám pouze o něco hlubší diskuzi nad výstupy práce a jejich aplikovatelností pro potřeby molekulárních a klinických projektů.

OTÁZKA:

Jaké parametry vstupních dat nejvíce ovlivňují kvalitu výstupních dat? Pokud by byla studie prováděna na jiných datech, poskytla by analýza významnější výsledky? Byl by vhodnější například jiný modelový systém než MDS? A jaký: jiné onemocnění, konkrétní typ buněk jiného organismu? Je velikost vstupního souboru (počet pacientů) dostatečná? Jak by celkově podle vás vypadala ideální vstupní data pro tento typ experimentu?

Předloženou závěrečnou práci hodnotím klasifikačním stupněm **A - výborně**.

Datum: 16.1.2024

Podpis:



Ing. Michaela DOSTÁLOVÁ MERKEROVÁ, PhD.