

I. IDENTIFIKAČNÍ ÚDAJE

Název práce:	Sekvenční homologie cirkulární RNA
Jméno autora:	Bc. Eliška Sirůčková
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	náročnější
<i>Hodnocení náročnosti zadání závěrečné práce.</i>	
Jakožto externí hodnotitel nemohu jednoznačně posoudit náročnost práce v kontextu ostatních zadání na FEL. Nicméně, práce se týkala dosud příliš nezkoumané molekulárního jevu (interakce mezi circRNA a miRNA) a byla postavena na pomezí biologických a informačních věd, vyžadovala tedy po studentce komplexní multioborový vhled do daného tématu.	

Splnění zadání	splněno
<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>	
Všechny body zadání práce byly splněny.	

Zvolený postup řešení	správný
<i>Posuďte, zda student zvolil správný postup nebo metody řešení.</i>	
Metody byly zvoleny vhodně a jsou standardně využívány pro tento typ experimentů. Některé z nich sice neposkytly očekávané řešení a bylo by možné testovat jiné parametry algoritmů či dokonce odlišné přístupy k řešení problému, nicméně celkově práce poskytuje přiměřené řešení experimentální otázky, které může být do budoucna potenciálně využitelné v bioinformatických analýzách molekulárně biologických projektů (po případných vylepšeních konkrétních detailů). Studentce se dokonce podařilo vyřešit neočekávané problémy, které postupně vyvstaly během řešení projektu (např. stažení dat při tvorbě datasetu, získání negativních dat, snížení vysoké falešné pozitivivity metody spojením s dostupnými tooly do výsledné metody nazvané Ensemble).	

Odborná úroveň	A - výborně
<i>Posuďte úroveň odbornosti závěrečné práce, využití znalostí získaných studiem a z odborné literatury, využití podkladů a dat získaných z praxe.</i>	
Moc oceňuji multidisciplinární vhled studentky jak do biologických, tak do inforatických otázek takto specifického projektu, a to včetně přemýšlivého a kreativního přístupu k řešení problémů v rámci experimentální práce.	

Formální a jazyková úroveň, rozsah práce	A - výborně
<i>Posuďte správnost používání formálních zápisů obsažených v práci. Posuďte typografickou a jazykovou stránku.</i>	
Text práce je logicky a srozumitelně vystavěn. Práce je sepsána v angličtině, a to bez významných jazykových a gramatických nepřesností. V některých případech bych pro špatnou čitelnost ocenila zvětšení obrázků (např. Figure 2.2).	

Výběr zdrojů, korektnost citací	A - výborně
<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>	

Zdroje jsou správně citované a odpovídající dané tématice. S ohledem na poměrně nové téma circRNA jsou bibliografické zdroje dotýkající se této biologické tematiky dostatečně recentní.

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.

Přestože je téma diplomové práce velmi specifické a také poměrně nové, má práce významný potenciál pro praktické uplatnění v daném biologickém oboru. Dosud není volně přístupných příliš mnoho predikčních nástrojů pro průzkum interakcí mezi circRNA a miRNA, proto je potřebnost takového toolu evidentní. Pracovní hypotéza, že sekundární struktura circRNA významně vylepší predikční algoritmus, se bohužel nepotvrdila. Nicméně nově vytvořená metoda (a zvláště pak kombinovaný přístup nazvaný Ensemble) se přesto ukázala být účinným přístupem pro predikci interakcí mezi circRNA a miRNA. Pokud by však měl být nově vytvořený nástroj v budoucnu veřejně přístupný, bylo by vhodné ho ještě v některých ohledech zhodnotit či vylepšit, což je ostatně diskutováno v závěru práce.

III. CELKOVÉ HODNOCENÍ, OTÁZKY K OBHAJOBĚ, NÁVRH KLASIFIKACE

Shrňte aspekty závěrečné práce, které nejvíce ovlivnily Vaše celkové hodnocení. Uveďte případné otázky, které by měl student zodpovědět při obhajobě závěrečné práce před komisí.

Studentka prokázala, že se orientuje jak v biologické otázce tématu, tak že dokáže kreativně přistoupit k informatickému řešení zadaného úkolu. V průběhu své práce ukázala, že je schopna navrhnout postup řešení neočekávaných problémů, je schopna posoudit výhody a nevýhody navrhovaných řešení a také, že umí vhodně publikovat výstupy své práce.

Jakožto molekulární biolog zabývající se regulačními funkcemi circRNA a miRNA vnímám potřebnost i potenciál výstupu diplomové práce. K tématu mám následující dotazy, připomínky a komentáře:

1. Ukázalo se, že sekundární struktura, tak jak ji v práci studentka definovala, příliš neovlivňuje účinnost predikce interakcí mezi molekulami. Jako sekundární strukturu v molekulární biologii chápeme lokální vztahy v celkové skladbě makromolekul. Celkové vztahy ale mohou být významně ovlivněny také terciární strukturou, tedy interakcemi mezi vzdálenými částmi těchto látek. Bylo by dle studentky možné a užitečné nějakým způsobem do dalších pokusů o vylepšení predikčního nástroje terciární strukturu circRNA zohlednit, nebo je naopak dle jejích pozorování zbytečné se strukturou circRNA při navrhování dalších vylepšení vůbec zabývat?
2. Bylo by pro vylepšení predikčního nástroje vhodné využít informace o koexpresi (nebo její absenci) mezi konkrétní circRNA a jí potenciálně regulovanými mRNA, například ve formě next-generation sequencing transkripčních dat? V rámci regulační osy circRNA-miRNA-mRNA by byly hledány takové miRNA, které se sekvenčně párují s danou circRNA a jejichž experimentálně ověřené cílové mRNA jsou zároveň korelovány s danou circRNA. Pokud dochází ke korelaci transkripce mezi circRNA a molekulami mRNA cílovými pro testovanou miRNA, pak bude tato „mezistupňová“ miRNA pravděpodobně interagovat s danou circRNA. Pokud k této korelaci nedochází, pak je interakce mezi circRNA a miRNA nepravděpodobná. Jak by se tato hypotéza dala výpočetně aplikovat?
3. Plánuje studentka výstup z projektu ve formě publikace, či veřejně přístupného toolu? Co by v tomto případě bylo ještě nezbytné na výsledném nástroji zlepšit?

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

Datum: 31.5.2021

Podpis: