

Review of Master's Thesis

Student: Štěpánek Martin, Bc.
Title: Fully Automated Method for the Design of Ancestral Proteins (id 24649)
Reviewer: Martínek Tomáš, Ing., Ph.D., DCSY FIT BUT

- 1. Assignment complexity** **more demanding assignment**
Cílem práce bylo rozšířit existující nástroj pro predikci ancestrálních sekvencí v proteinech (FireProtASR) o podporu vyhledávání sekvencí následovníků. K této aplikaci bylo následně potřeba vytvořit webové rozhraní a navrhnout vhodné techniky pro vizualizaci dat. **Zadání považuji za obtížnější.**
- 2. Completeness of assignment requirements** **assignment fulfilled**
- 3. Length of technical report** **in usual extent**
- 4. Presentation level of technical report** **90 p. (A)**
Diplomová práce je napsána přehledně a kapitoly jsou uspořádány v logickém sledu. **Rozsah teoretické a praktické části je vyvážený.** Samotný text je pro čtenáře čitelný a snadno pochopitelný.
- 5. Formal aspects of technical report** **95 p. (A)**
Předložená práce byla **napsána v angličtině na velmi dobré úrovni.** Rovněž typografická stránka textu je na vysoké úrovni. Text je doplněn názornými obrázky a grafy.
- 6. Literature usage** **95 p. (A)**
Práce s literaturou je na velmi dobré úrovni. **Čerpáno bylo z kvalitních časopiseckých publikací** z oblasti molekulární biologie a predikce vlivu mutace na stabilitu proteinu. Převzaté části textu a obrázky jsou řádně označeny a odděleny od vlastního přínosu.
- 7. Implementation results** **95 p. (A)**
Hlavní realizační **výstupy práce tvoří jádro aplikace pro detekci ancestrálních sekvencí proteinů** vytvořené **v jazyce java a kompletní webová aplikace** s využitím knihovny React. Uvedené **zdrojové kódy jsou plně funkční.**
- 8. Utilizability of results**
Předložená práce **rozšiřuje existující aplikaci FireProtASR o nový přístup predikce sekvencí následovníků** v proteinech. Celou aplikaci navíc implementuje do podoby nového webového rozhraní vhodného pro použití ze strany biologů a vědecké komunity.
- 9. Questions for defence**
 - Bylo by možné ověřit stabilitu předchůdců resp. následovníků s použitím nástrojů typu Rosetta nebo FoldX?
 - Sekvence předchůdců i následovníků se aktuálně v nástroji predikují po jednotlivých sloupcích MSA. Je schopen se tento přístup vypořádat např. s korelovanými pozicemi nebo mutacemi vedoucími k narušení sekundárních struktur proteinu?
- 10. Total assessment** **90 p. excellent (A)**
Předložená diplomová práce je velmi kvalitní a student prokázal, že je schopen samostatně pochopit poměrně náročnou problematiku a významně rozšířit existující aplikaci pro predikci ancestrálních sekvencí v proteinech o podporu predikce následovníků, včetně vhodného webového rozhraní. S ohledem na obtížnost zadání, kvalitu zpracování a text psaný v anglickém jazyce hodnotím tuto práci stupněm **výborně (A).**

In Brno 1 June 2022

Martínek Tomáš, Ing., Ph.D.
reviewer