

Posudek oponenta diplomové práce

Student: Jurča Jan, Bc.

Téma: Webová aplikácia pre výber sekvenačných primerov pre amplikónové sekvenovanie 16S rRNA (id 25131)

Oponent: Martínek Tomáš, Ing., Ph.D., UPSY FIT VUT

- Náročnosť zadání** **obtížnější zadání**
Cílem práce bylo vytvořit aplikaci pro identifikaci vhodných primerů pro amplifikaci procesu sekvenování genu 16S rRNA. K této aplikaci bylo následně potřeba vytvořit webové rozhraní s rozšířenými možnostmi pro vyhledávání a filtraci dat. **Zadání považuji za obtížnější.**
- Splnění požadavků zadání** **zadání splněno s podstatným rozšířením**
Nad rámec zadání student re-implementoval vybrané části existujících nástrojů a zrychlil tak jejich běh z řádu hodin na minuty. Dále připravil aplikaci pro běh v distribuovaném výpočetním prostředí a výrazně tak zlepšil její škálovatelnost.
- Rozsah technické zprávy** **je v obvyklém rozmezí**
- Prezentační úroveň předložené práce** **90 b. (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.
- Formální úprava technické zprávy** **85 b. (B)**
Předložená práce je **na velmi dobré jazykové úrovni.** Až na drobné typografické prohřešky (např. reference na literaturu za tečkou ve větě a chybějící číslování vzorců) je i **typografická stránka textu velmi dobrá.**
- Práce s literaturou** **95 b. (A)**
Práce s literaturou je na velmi dobré úrovni. **Čerpáno bylo z kvalitních časopiseckých publikací** z oblasti molekulární biologie, metagenomiky a webových technologií. Převzaté části textu a obrázky jsou řádně označeny a odděleny od vlastního přínosu.
- Realizační výstup** **100 b. (A)**
Hlavní realizační **výstupy práce tvoří jádro aplikace pro inferenci primerů** vytvořené **v jazyce python a kompletní webová aplikace** s využitím knihovny React. Uvedené **zdrojové kódy jsou plně funkční** a v souladu s licenčními podmínkami.
- Využitelnost výsledků**
Předložená práce navrhuje **nový přístup pro inferenci primerů** pro amplifikaci genu 16S rRNA. Tento přístup navíc implementuje v podobě webového rozhraní vhodného pro použití ze strany biologů a vědecké komunity. **Vytvořená aplikace má nepochybně publikační potenciál** v kvalitním vědeckém časopise.
- Otázky k obhajobě**
 - V jaké formě jsou dostupné informace o tom, že daný primerový pár je schopen amplifikovat konkrétní 16S rRNA sekvenci?
 - Uvažuje vytvořená aplikace výskyt různých variant 16S rRNA v rámci jednoho organismu? Pokud ne, dala by se o tuto možnost rozšířit?
- Souhrnné hodnocení** **97 b. výborně (A)**
Předložená diplomová práce je velmi kvalitní a student prokázal, že je schopen samostatně pochopit poměrně náročnou problematiku, vytvořit aplikaci pro inferenci vhodných primerů genu 16S rRNA, včetně vhodného uživatelského rozhraní. Rád bych ocenil velmi precizní návrh a implementaci výsledné aplikace, včetně rozšíření, které významně zrychlilo použité nástroje a umožnilo lepší škálovatelnost. Vytvořený výstup má navíc potenciál se stát součástí kvalitní vědecké publikace. S ohledem na tyto skutečnosti hodnotím stupněm **výborně (A)** a doporučuji komisi zvážit případné ocenění této práce.

Prohlášení: Uděluji VUT v Brně souhlas ke zveřejnění tohoto posudku v listinné i elektronické formě.

V Brně dne: 31. května 2022

Martínek Tomáš, Ing., Ph.D.
oponent