

Posudek bakalářské práce

předložené na Matematicko-fyzikální fakultě
Univerzity Karlovy v Praze

posudek vedoucího posudek oponenta

Autor/ka: Jan Zimmermann
Název práce: Porovnávání struktur RNA
Studijní program a obor: Informatika, Programování
Rok odevzdání: 2007

Jméno a tituly vedoucího/opponenta: RNDr. František Mráz, CSc.
Pracoviště: KSVI MFF UK

	excelentní	odpovídající	slabší	nevyhovující
Náročnost zadaného tématu		X		
Míra splnění zadání	X			
Struktura textové části práce		X		
Jazyková a typografická úroveň	X			
Analýza	X			
Vývojová dokumentace		X		
Uživatelská dokumentace		X		
Kvalita zpracování softwarové části	X			
Stabilita aplikace		X		

Nejvýznamnější klady:

- Práce je motivovaná problémy riešenými v makromolekulárnej biológii. Je známe, že RNA reťazce vytvárajú zložité sekundárne štruktúry, ktoré značne ovplyvňujú možné genetické zmeny pri vývoji organizmov. Ak dva organizmy majú podobnú sekundárnu štruktúru RNA, tak môžu mať aj podobné vlastnosti, takže je možné takúto informáciu využiť na určovanie príbuznosti organizmov a odhadovanie vývoja druhov organizmov.
- Autor rieši problém, keď si biológ myslí, že nejaké sekvencie RNA sú príbuzné a zaujíma ho, či obsahujú majú podobné sekundárne štruktúry. Autor rieši problém tzv. mnohonásobného štruktúrného alignmentu, keď sa porovnáva (spočítaná) sekundárna štruktúra niekoľkých (častí) reťazcov RNA. Tento problém je výpočtovo veľmi náročný, preto autor vymyslel a implementoval heuristiku, ktorá zdá sa dáva výborné výsledky pri únosnej časovej náročnosti. Jeho technika je založená na mnohorozmernom dynamickom programovaní aplikovanom na porovnávanie častí sekundárnych štruktúr. Navyše autor implementoval vlastné zobrazovanie štruktúrného alignmentu, ktoré užívateľovi (biológovi) umožňuje interaktívne vybrať časť zarovnaných štruktúr (mnohonásobného štruktúrného alignmentu) a vyrezať zodpovedajúce si časti zo všetkých porovnávaných reťazcov. Takto vyrezané podpostupnosti je potom možné uložiť a ďalej spracovávať inými programami.
- Aplikácia je stabilná a má dobrú užívateľskú dokumentáciu umožňujúcu jej využitie biológmi.

Nejzávažnejší nedostatky:

- Aplikácia nemá závažnejšie nedostatky. Asi by bolo vhodné urobiť analýzu (aspoň experimentálnu) časovej zložitosti autorom vyvinutého systému, ktorá by zrejme ukázala

Ďalší poznámky:

- Aplikácia bude využívaná v Ústave experimentálnej botaniky ČS AV. Myslím, že po overení funkčnosti a doplnení analýzy zložitosti by autor mohol svoj algoritmus publikovať. Doporučujem prácu Jana Zimmermanna uznať ako bakalársku prácu.

	výborně	velmi dobře	dobře	neprospěl/a
Návrh známky	X			

Datum: 4.9.2007

Podpis: