

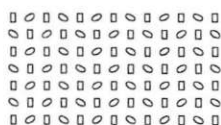


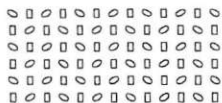
## Posudek habilitační práce Dr. Davida Hokszy

Habilitační práce Dr. Davida Hokszy je věnována vývoji nových bioinformatických přístupů a softwarových nástrojů pro popis funkce biomolekul. Konkrétně jsou v práci popsány metody a programy pro: (i) predikci sekundární struktury RNA molekul, (ii) detekci funkčně důležitých dutin v proteinových molekulách a (iii) detekci protein-proteinových interakcí.

Práce má 38 stran úvodu a 7 stran referencí. Součástí habilitační práce je i kompilace reprintů 9 původních článků v recenzovaných vědeckých časopisech *Nucleic Acids Research*, *Bioinformatics*, *BMC Bioinformatics*, atd. Náročné recenzní řízení v těchto časopisech garantuje vysokou vědeckou kvalitu výstupů, originalitu popisovaných řešení a spolehlivost predikcí na úrovni nejlepších nástrojů v dané doméně. Dr. Hoksza publikoval 42 vědeckých článků, které byly citovány 122, respektive 97 s vyloučením autocitací (zdroj: Web of Science, dne 1.2.2020).

Úvod práce je sepsán srozumitelně a poskytuje potřebný vhled do problematiky, které se práce věnuje v rámci tří studovaných témat. Text je vhodně doplněn původními obrázky a schémata. Přivítal bych systematictější citování zdrojů, ze kterých autor při sepisování úvodu vycházel. Přehledný je i popis metod a softwarových nástrojů. V částech popisujících softwarová řešení mi chybí odkazy na úložiště nebo webové stránky, kde lze software nalézt (výjimkou je program INSPiRE u kterého je uvedena lokace kódu v databázi GitHub).





Velmi oceňuji, že softwarová řešení jsou dotažena do nástrojů, které slouží široké uživatelské komunitě. Nástroje lze používat jako samostatné programy, API a webové aplikace. Mezi nejvýznamnější výstupy práce považuji uplatnění softwaru PRANK k analýze dutin ve světové znalostní databázi FunPDBe udržované European Bioinformatics Institute (EBI). Kvalita predikce nástroje PRANK byla systematicky porovnána se 17 bioinformatickými nástroji publikovanými v této doméně.

**Závěrem konstatuji, že habilitační práce Dr. Davida Hokszy kvalitou i rozsahem splňuje kritéria pro udělení akademické hodnosti docent a rád ji doporučuji k obhajobě.**



Prof. Mgr. Jiří Damborský, Dr.

V Brně dne 13. března 2020

**Dotaz:**

Program INSPiRE je vyvíjen s použitím všech struktur PDB. Nebylo by vhodnější struktury proteinů rozdělit na dvě sady, které by umožnily robustnější validaci vyvinuté metody? Mohl by kandidát blíže specifikovat výsledky podporující tvrzení, že INSPiRE překonává stávající nástroje?

**Připomínky:**

V úvodu by mohly být systematičtěji uvedeny literární zdroje.

Biochemické dráhy (pathways) bych nenazýval akcemi (actions).

V obrázku 4 chybí literární odkazy na struktury zobrazených biomolekul.

Úvodní text by zpřehlednily podnázvy.

V obrázku 1.2 je obtížné rozeznat černou a šedou barvu.

„Transfer of knowledge between different molecules“. Přenos *znalostí* mezi molekulami?

V částech k softwaru chybí odkaz na úložiště nebo webovou stránku.

V části 3.1 jsou prázdné závorky, zřejmě připravené k uvedení referencí (3x).

U obrázku 3.2 není uveden software použitý k jeho přípravě.

Privítal bych, kdyby byl součástí habilitační práce i životopis kandidáta.

