

OPONENTSKÝ POSUDOK PRE INAUGURAČNÉ KONANIE

- Inaugurant:** doc. Ing. Štefan Janeček, DrSc.
- Pracovisko:** Univerzita sv. Cyrila a Metoda v Trnave
Fakulta prírodných vied
Katedra biológie
- Habilitačná práca:** Amylytické enzýmy: tisíce sekvencií, stovky štruktúr, desiatky špecificít – a čo evolúcia...?

Na úvod by som rád uviedol, že mi je ct'ou a potešením byť oponentom docentovi Štefanovi Janečkovi, ktorého si nesmierne vážim, pretože ho považujem za jednu z najvýraznejších osobností v odbore molekulárna biológia, a predovšetkým za najväčšieho odborníka vo svojej špecializácii, bioinformatike, a to nielen na Slovensku, ale i vo svete.

Docent Janeček predstavuje ucelenú osobnosť. Na základe scientometrických údajov, ktoré sú uňho v rámci Slovenska nadpriemerné, patrí k vedeckej špičke a k lídrom v oblasti bioinformatiky. Podľa analýzy špičkových vedeckých pracovníkov a výšky Hirschovho indexu je na mieste tvrdiť, že je jedným z najlepších vedcov na Slovensku. Jeho odbornú činnosť si vážim najmä preto, že hoci sa v prevažnej miere venuje amylázam, dosiahol výsledky, ktoré sú aplikovateľné pre akékoľvek proteíny. Dnes už môžeme povedať, že vytvoril významnú vedeckú školu, čoho dôkazom je, že skolil, a naďalej školí v odbore molekulárna biológia značné množstvo doktorandov. Svoju pedagogickú činnosť vykonáva na Katedre biológie Fakulty prírodných vied Univerzity sv. Cyrila a Metoda v Trnave, kde vyučuje tri predmety na bakalárskom stupni, rovnako na magisterskom stupni, a navyše prednáša aj študentom doktorandského štúdia, z čoho vyplýva, že sa určite radí k najvyťaženejším pedagógom. Výsledkom jeho oduševnenej pedagogickej činnosti je aj autorstvo viacerých skript, ktoré tvoria podklad pre vzdelávanie ďalších generácií odborníkov a vedcov. Rovnako chvályhodnou je aj publikačná činnosť docenta Janečka, ktorý ako šéfredaktor mimoriadne pozdvihol úroveň karentovaného časopisu SAV *Biológia*.

Bioinformatika je dôležitým nástrojom molekulárnej biológie, a nezdráham sa tvrdiť, že je mnohokrát nedocenená. Práve bioinformatika najlepšie vykresľuje myšlienku „from big data to smart data“ a je kľúčom k tomu, aby bol celý výskum v molekulárnej biológii a biotechnológii priamočiarejší. Zostáva však niekoľko otázok, ktoré si dovoľím ako bioinformaticky málo skúsený človek a užívateľ nástrojov, s ktorými pracuje docent Janeček, predložiť do diskusie.

V súčasnosti medzi užívateľmi vyspelých technológií rastie tendencia pochvaľovať si práve tie nástroje, ktorých manipulácia nekladie na užívateľa vysoké nároky. Zväčšuje sa záujem o doslova rýchle „preklikávanie sa“, a čím nižší počet klikov je potrebný k výsledku, tým vyššia je pridaná hodnota nástroja. Nezdá sa Vám, že niektoré voľne dostupné typy softvérov sú často

príliš komplikované, resp. nie sú „user-friendly“? Pre laikov ako ja je pritom veľmi náročné dostať sa k výsledkom, ktoré by inak mohli výrazne pomôcť a ušetriť čas.

Vo svojich skriptách *Bioinformatika proteínov*, ktoré oceňujem najmä pre ich prehľadnosť, uvádzate množstvo nástrojov, napr. HCA, ktorá je podľa mňa veľmi užitočná, avšak interpretácia týchto výsledkov do značnej miery závisí na odbornej znalosti užívateľa. Ak by sme ju porovnali napr. s Clustalom, tak nemožno povedať, že by to zvládol každý. Myslíte si, že by bolo možné v budúcnosti nastaviť parametre tak, aby mohli tieto nástroje používať aj odborníci zo širšej vedeckej komunity?

S dostupnosťou nepochybne súvisí aj hodnota týchto softvérov. Mnoho z nich je príliš drahých na to, aby si ich laboratória mohli dovoliť. Myslíte si, že sa dá v tejto oblasti povedať, že je v dohľade tzv. open access?

Na záver by som ešte raz veľmi rád ocenil prácu docenta Janečka, ktorý je výraznou osobnosťou a určite patrí k vedeckej špičke Slovenska. Súhlasím, aby mu bol udelený titul profesor molekúlárnej biológie, pretože som presvedčený, že bude v správnych rukách.

V Bratislave dňa 19.01.2021



prof. RNDr. Jaromír Pastorek, DrSc.