

# FI:IV110/IV114 Projekt z bioinformatiky a systémové biologie

Cílem kurzu je samostatně (v max 4-členných skupinách) získat a analyzovat bioinformatická data a prezentovat postup a výsledky své práce v minikonferenci v závěru semestru.

Hlavní tématou podobně jako loni bude sekvenování DNA a jeho využití v metagenomické analýze vzorků z prostředí (půda). Pro studenty, kteří už jeden projekt absolvovali, pro největší skupiny i pro obohacení možností typu analýz, bude zadáno kromě rutinní metagenomické analýzy jedno ze dvou rozšíření - i) využití GPU k akceleraci výpočtů nebo ii) poskládání kompletních genomů vybraných organismů. Studenti se zapsaným předmětem IV114 mohou taky modifikovat svou analýzu do oblasti systémové biologie, s cílem zjistit množinu proteinů a biochemických reakcí, které daný metagenom pokrývá a hodnotit data z tohoto pohledu.

Vhodným doplňkem obsahu mohou být i přednášky a prezentace v semináři z bioinformatiky (IV105 St 16:00 A319 [bioinf.pages.fi.muni.cz/posts/iv105/](http://bioinf.pages.fi.muni.cz/posts/iv105/)), kde jedna z tém je “reprodukovatelnost výpočtů v bioinformatice”.

Nebo webinar firmy Novogene [Next Generation Sequencing and its Clinical Applications](#) (Sep 22, 2022 12:00)

Kurz bude rozdělen do několika fází:

1. Sekvenování DNA (Illumina, Oxford Nanopore aka ONT) a jeho aplikace (12.9. - 19.9.)
2. Reprodukovatelnost výpočtů, informace k odběru vzorků a jejich zpracování na BFÚ AV ČR (26.9., dr. Lucie Grodecká, mgr. Marie Krátká)
3. Odevzdání vzorků na BFÚ, brainstorming s literaturou a informacemi online (3.10.)
4. Prezentace záměrů projektů (10.10)
5. Příprava knihoven (mgr.MK), nanopórové sekvenování (17.10., BFÚ AV ČR, Královopolská 135, dr. Zdeněk Kubát + dr.LG + mgr.MK)

6. Práce na projektech (od 24.10 do 28.11., možnost konzultací v učebně dle domluvy)

7. Minikonference (5.12.)

Prezentace výsledků v konferenčním formátu.

Požadavky:

- Prezentace návrhu projektu
- Předzpracování dat reálných (u některých a/nebo simulovaných) dat
- Analýza dat doložena reprodukovatelným a dokumentovaným kódem
- Minimum pro 2-člennou skupinu: zpracování krátkých a dlouhých čtení; každý další člen skupiny = jedno ze dvou rozšíření nebo sys bio
- Prezentace na minikonferenci