

# Představení projektů

**IV110** Projekt z bioinformatiky I

**IV114** Projekt z bioinformatiky a systémové biologie

**E4014** Projekt z Matematické biologie a biomedicíny -  
biomedicínská bioinformatika

Mgr. Eva Budinská, Ph.D.

doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D.

# Projekt 1 - Nanopórové sekvenování Silenky...

- **Background:** Knotovka bílá (<https://botany.cz/cs/silene-latifolia-alba/>) je dvoudomá rostlina zajímavá z hlediska evoluce pohlavních chromozomů (X a Y).
- **Data:** Sekvenace minION (verze 10.4.1), sameček odrody Tišnov.
- **Cíl:** Získat assembly co největší kvality (N50, podobnost k relevantní referenci).
- **Háček/doplňující info:** Assembly bez využití dalších zdrojů dat
- **Praktické kroky projektu:**

1. Předběžně vyhodnoťte kvalitu nanopórových dat, porovnejte s podobnými projekty v literatuře
2. Vytvořte pipeline pro kvalitu a assembly výběrem/vhodnou kombinací nástrojů (e.g. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fcimb.2021.696669/full>).
3. Aplikujte na data *S.latifolia*



# Projekt 2 - Nanopórové sekvenování Silenky...

- **Background:** Knotovka bílá (<https://botany.cz/cs/silene-latifolia-alba/>) je dvoudomá rostlina zajímavá z hlediska evoluce pohlavních chromozomů (X a Y).
- **Data:** Sekvenace minION (verze 10.4.1), sameček odrody Tišnov.
- **Cíl:** Získat assembly co největší kvality (N50, podobnost k relevantní referenci).
- **Háček/doplňující info:** Assembly s využitím reference a Illumina dat 25 jedinců
- **Praktické kroky projektu:**

1. Předběžně vyhodnoťte kvalitu NGS dat, porovnejte s podobnými projekty v literatuře
2. Vytvořte pipeline pro kvalitu/assembly výběrem/kombinací nástrojů (e.g. <https://bmcgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-020-07041-8>).
3. Aplikujte na data *S.latifolia*



# Projekt 3 - Bakterie na zubních nitích

- **Background:** Tyto bakterie se dávali na zubní nit a sledovalo se, která bakterie má nejlepší vlastnosti z hlediska protekce zubů.
- **Data:** Whole genome sequencing (WGS) 4 probiotických kmenů bakterií dutiny ústní. Illumina MiSeq, paired-end, 300bp dlouhé čtení, coverage: 2-5mil/vzorek
- **Cíl:** Cílem projektu je zjistit, jak se liší tyto bakterie vzhledem ke svým metabolickým potenciálům
- **Háček:** Nevíme o jaké bakterie se jedná, v laboratoři se ztratily popisky
- **Praktické kroky projektu:**
  1. Navrhněte postup pro taxonomické zařazení vzorků
  2. Modelujte metabolický potenciál jednotlivých bakterií a nalezněte rozdíly
  3. Zkuste určit kmen který by mohl mít nejprotektivnější efekt



# Projekt 4 – Houby - které jídlo je otrávené?

○ **Background:** Skupina nadšených houbařů nasbírala v lese a na louce různé houby.

Houbaři se rozdělili do tří skupin a každá z nich uvařila jídlo z hub, které našli. Po hromadné ochutnávce jim všem bylo špatně.

○ **Data:** Whole genome sequencing (WGS) okrojků hub od tří skupin (3 soubory). Illumina MiSeq, paired-end, 300bp dlouhé čtení, coverage: 2-5mil/vzorek

○ **Cíl:** Cílem projektu je zjistit, které jídlo/a obsahovalo jedovatou houbu/y a jakou/é

○ **Doplňující info:** Houbaři si myslí, že sbírali: bedle, hříby, holubinky, žampiony a klouzky

○ Je možné, že se jim do košíku dostaly i jedovaté houby

○ **Praktické kroky projektu:**

1. Navrhněte postup pro taxonomické zařazení vzorků a zjistěte jaké houby se nacházely v jídlech
2. Identifikujte geny pro toxiny
3. Navrhněte geny specifické jedovatým houbám z jídel pro jednodušší a rychlejší identifikaci s pomocí PCR



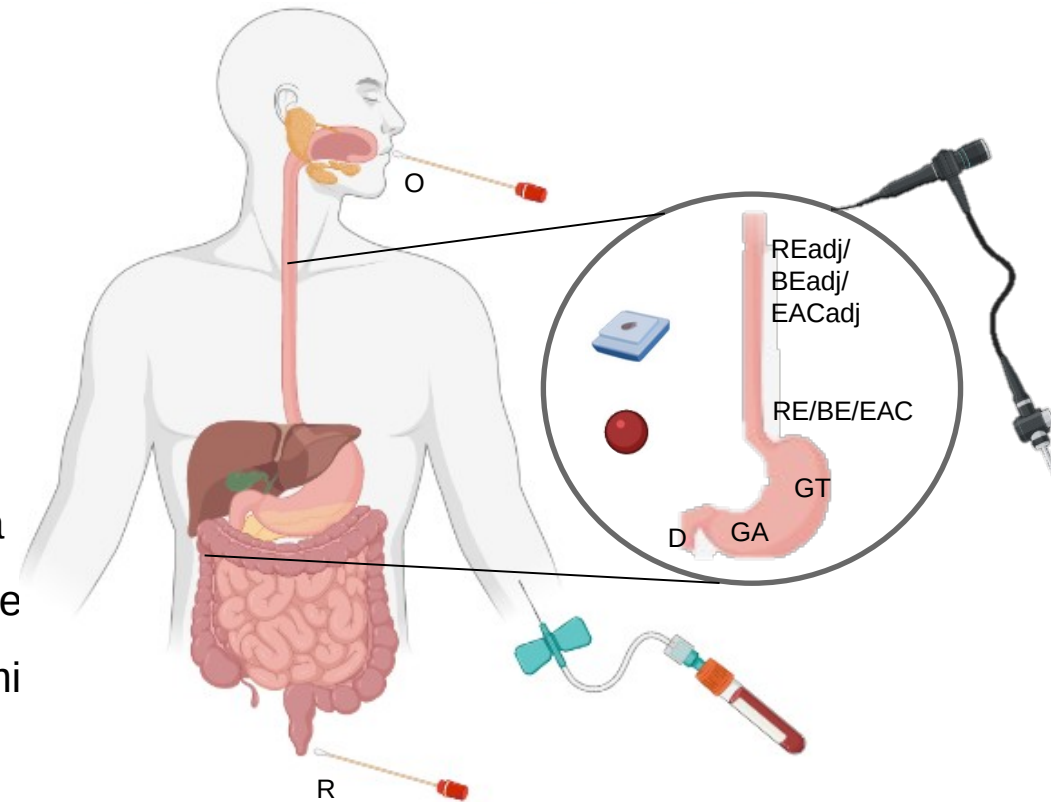


# Projekt 5 – GERD – Taxonomické složení bakteriomu u refluxního onemocnění jícnu

- **Background:** U pacientů s refluxním onemocněním jícnu byly odebrány stěry z dutiny ústní, jícnu, žaludku, duodena a rekta
- **Data:** 16SrRNA sekvenování. Illumina MiSeq, paired-end, 300bp dlouhé čtení, coverage: XXX mil/vzorek
- **Cíl:** Cílem projektu porovnat bakteriální složení v jednotlivých částech trávicího traktu

## Praktické kroky projektu:

1. Určete taxonomické složení bakteriomu jednotlivých míst až do druhu za použití dvou nástrojů: Pathoscope a QIIME2, k jedné referenční databáze
2. Zjistěte které bakterie se svou abundancí významně liší mezi jednotlivými lokacemi
3. Stanovte funkční potenciál jednotlivých bakteriálních komunit a najděte rozdíly



# Projekt 6 – GERD – Taxonomické složení bakteriomu u adenokarcinomu jícnu

- **Background:** U pacientů s adenokarcinomem jícnu byly odebrány stěry z dutiny ústní, jícnu, žaludku, duodena a rekta
- **Data:** 16SrRNA sekvenování. Illumina MiSeq, paired-end, 300bp dlouhé čtení, coverage: XXX mil/vzorek
- **Cíl:** Cílem projektu porovnat bakteriální složení v jednotlivých částech trávicího traktu

## Praktické kroky projektu:

1. Určete taxonomické složení bakteriomu jednotlivých míst až do druhu za použití dvou nástrojů: Pathoscope a QIIME2, k jedné referenční databáze
2. Zjistěte které bakterie se svou abundancí významně liší mezi jednotlivými lokacemi
- 3.7 Stanovte funkční potenciál jednotlivých bakteriálních komunit a najděte rozdíly

