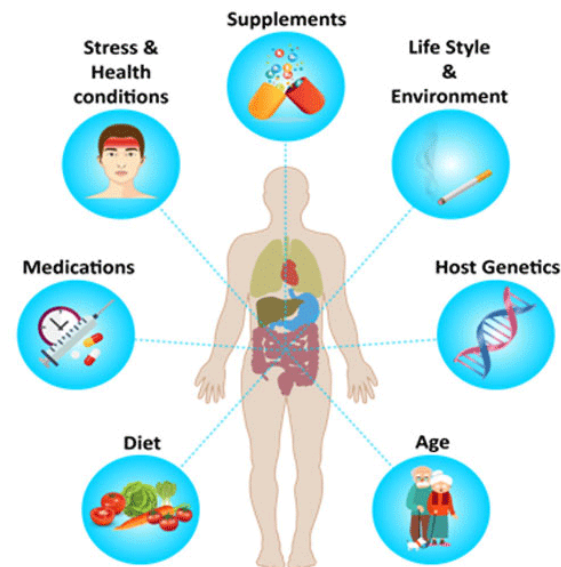


Odhad funkce metagenomu (mikrobiobiálních společenstev)

Eva Budinská

- Mikrobiom – soubor mikroorganismů v prostředí - ovlivňuje zdraví člověka
- Složení mikrobiomu a jeho funkce je studováno analýzou jeho genomu – metagenomu
- Základní otázkou, kterou je třeba řešit při studiu mikrobiomu, je pokusit se předpovědět, jaké jsou biologické funkce mikrobiální komunity jako celku
- Ktomuto účelu využíváme nejmodernější databáze (KEGG, Uniprot, EntrezGene), které obsahují informace o funkčních produktech genů a také molekulární dráhy, a kterých se tyto produkty podílejí



Cílem projektu bude zodpovědět na následující otázky:

- Jak se shodují referenční/současné databáze při popisu lidských mikrobiálních komunit z funkčního hlediska?
- Existují vestavěné nástroje/pracovní postup pro přidružení genů k funkcím?
- Jaký druh benchmarku bychom měli nastavit pro hodnocení těchto zcela odlišných zdrojů?

Hlavní kroky projektu:

- Nastudovat co obsahují a jakou strukturu mají databáze UniProt, KEGG a EntrezGene
- Zjistit, jakými nástroji se dá informace o genech, jejich produktech dolovat automatizovaně
- Na příkladu mikrobiální komunity odhadnout její funkce s použitím všech tří databází a porovnat rozdíly
- Navrhnout způsob hodnocení rozdílů
- Výsledky vizualizovat a interpretovat

