

Projekt z matematické biologie – biomedicínská bioinformatika

Mgr.

Eva Budinská

Cíle a harmonogram

- Cílem předmětu je skupinová práce na bioinformatickém projektu
- Pracuje se ve skupinkách po 3 (max 4) osob
- Harmonogram:
 - 19.9. – představení projektů
 - 17.10. - druhá hodina, první progres
 - 14.11 - třetí hodina, druhý progres
 - 12.12 – závěrečné prezentace výsledků projektu

Projekty

Požadavky projektu

- Progres projektu se prezentuje průběžně – nutné, aby prezentoval každý ze skupiny – 10 min prezentace na projekt
- Finální projekt se obhájí 12.12.2022 – 20 min prezentace na projekt
- Do odevzdáárny se odevzdává:
 - Sepsaný strukturovaný **popis projektu**: úvod, metodika, výsledky, závěr
 - **Kód a skripty (komentované)**, které byly použity k vypracování projektu
 - Jakékoliv další důležité soubory, pokud jsou nutné samostatně a nelze je dát do textu popisu projektu

Projekty pro podzim 2022

- Korelace metabolického potenciálu střevního mikrobiomu (PICRUSt data) se specifickými metabolity naměřenými (UHPLC-SRM/MS) ve vzorcích stolice dětí (vede: Soňa Smetanová, RECETOX)
 - **Co se naučíte:** analyzovat data z hmotnostní spektrometrie, odhadovat teoretický metabolický potenciál mikrobiální komunity z dat mikrobiálního složení
- Analýza mutací kolorektálních karcinomů (vede: Barbora Zwinsová, RECETOX)
 - **Co se naučíte:** zpracovávat data krátkých Illumina čtení cíleného panelu mutací z nádorů kolorekta – od raw dat k seznamu mutací
- 1000 genomes project (vede: Eva Budinská, RECETOX)
 - **Co se naučíte:** pracovat s genomickými daty z velkých projektů uložených v databázích, dolovat z nich informace pro další projekty, aplikovat statistické a vícerozměrné metody pro zjištění odlišných populací
- Zostali v dnešných slonoch gény mamutov? (vede: Natália Martínková, RECETOX)
 - **Co se naučíte:**

Analýza mutací karcinomu kolorekta

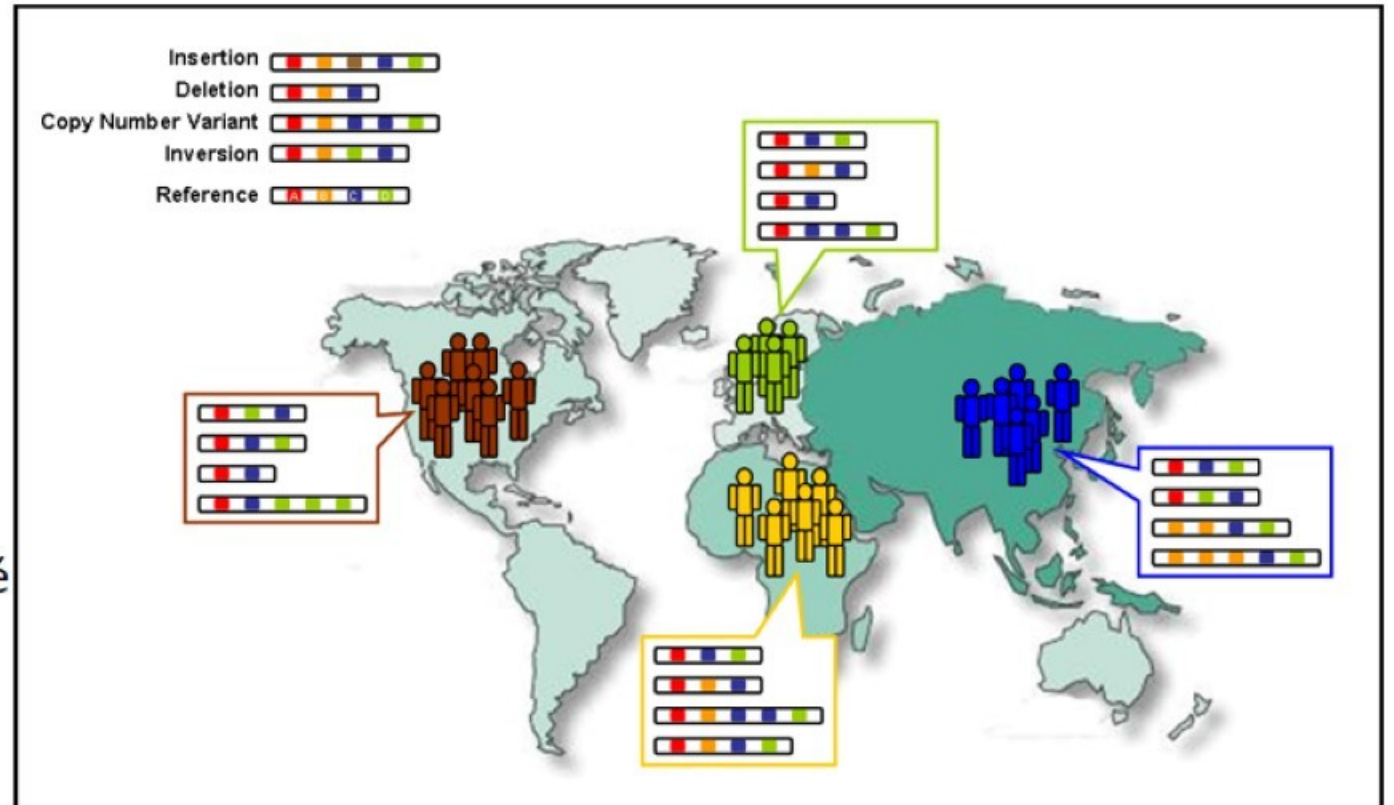
(vede: Barbora Zwinsová, RECETOX)

1000 genomes project

(vede Eva Budinská)

1000 genomes project

- Projekt zahájený v lednu 2008 byl mezinárodním výzkumným úsilím o vytvoření zdaleka nejpodrobnějšího **katalogu lidských genetických variací**
- **Použití:**
 - asociační studie týkající se genetických variací onemocnění
 - lepší výběr SNP a sond pro genotypizační platformy v budoucích studiích a zlepšení lidské referenční sekvence
 - Kromě toho bude dokončená databáze užitečným nástrojem pro studium vybraných oblastí, variací ve více populacích a pochopení základních procesů mutace a rekombinace



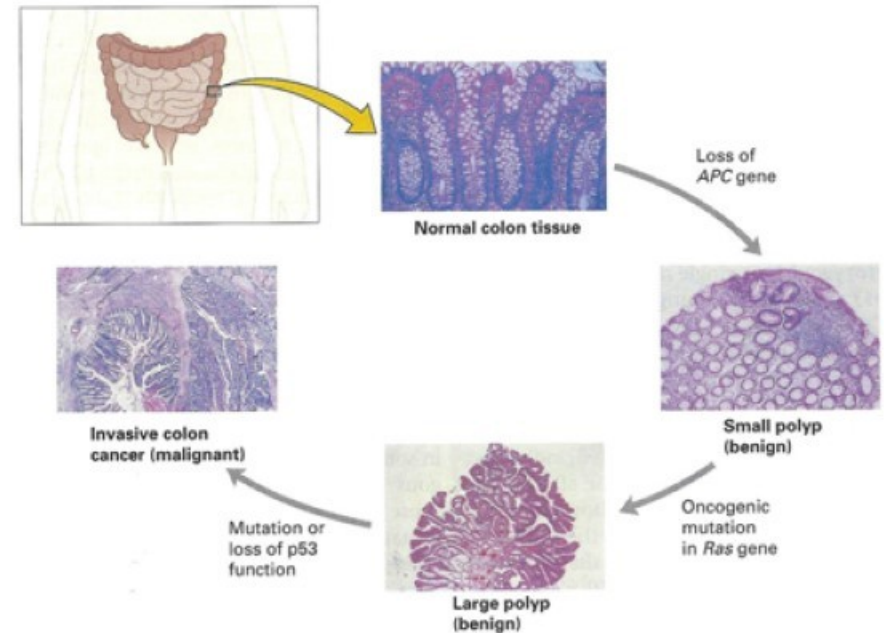
Cíle projektu

- Načíst si informace o projektu
- Nalézt přístup k nejnovější verzi výsledků projektu pro různé populace
- Pochopit strukturu dat
- Vypočítat procentuální zastoupení genetických variant u jednotlivých skupin
- Zjistit, jestli se dle genetických variant dají vytvořit podobné skupiny (shlukování) a jestli tyto skupiny korelují s kontinenty (statistické testování)
- Zdroje k projektu
 - [1000 Genomes | A Deep Catalog of Human Genetic Variation \(internationalgenome.org\)](http://internationalgenome.org)

Kolorektální karcinom a jeho mutace

- Genetické mutace podmiňují vznik a agresivitu kolorektálního karcinomu
- V dnešní době se studují technikami sekvenace nové generace
- K dispozici data 10 pacientů s KRK z cíleného sekvenování panelu mutací technikou Illumina

Tumor progression in colon cancer



Cíle projektu

- Cíle:
 - Nastudovat si jak funguje Illumina sekvencování
 - Nastudovat pipeline jejich zpracování – od kontroly kvality po anotaci variant
 - Zpracovat data – od kontroly kvality po anotaci variant
- K dispozici:
 - Data – raw fastq files z Illumina sekvencování 10 KRK
 - Data k panelu mutací
 - Existující pipeline zpracování těchto dat (kódy)

Korelace metabolického potenciálu střevního mikrobiomu (PICRUSt data) se specifickými metabolity naměřenými (UHPLC-SRM/MS) ve vzorcích stolice dětí

(vede: Soňa Smetanová, RECETOX)

Korelace metabolického potenciálu střevního mikrobiomu (PICRUSt,) se specifickými metabolity naměřenými (UHPLC-SRM/MS) ve vzorcích stolice dětí

- 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
- K tomuto účelu využíváme nejmodernější databáze (např. KEGG), které obsahují informace o funkčních produktech genů a také molekulární dráhy, na kterých se tyto produkty podílejí
- Můžeme tak odhadnout i metabolický potenciál např. střevního mikrobiomu (PICRUSt)

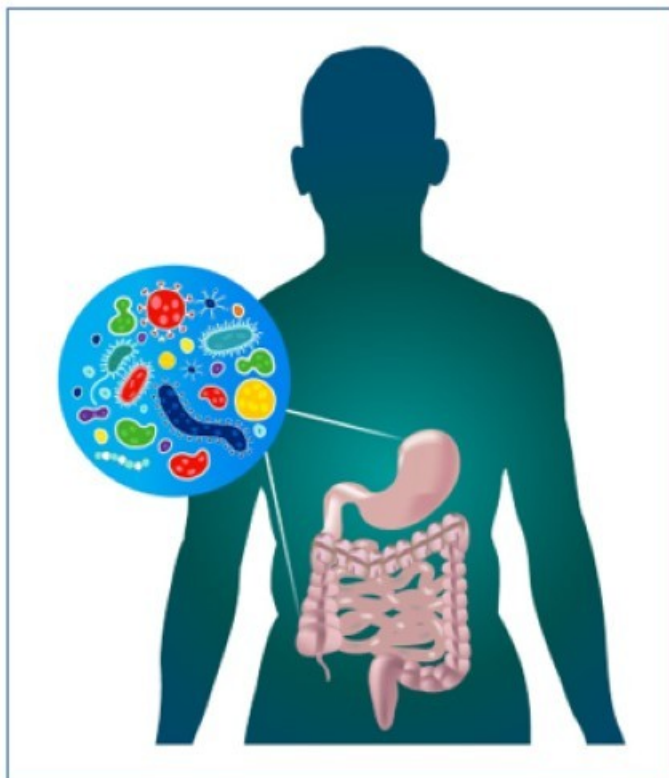
- Dalším možným přístupem je přímé měření koncentrace vybraných metabolitů ve vzorku stolice pomocí vysokotlaké kapalinové chromatografie s hmotnostním spektrometrem

- Oba přístupy mají se plusy i mínusy, ale předpoklad je, že spolu souvisí

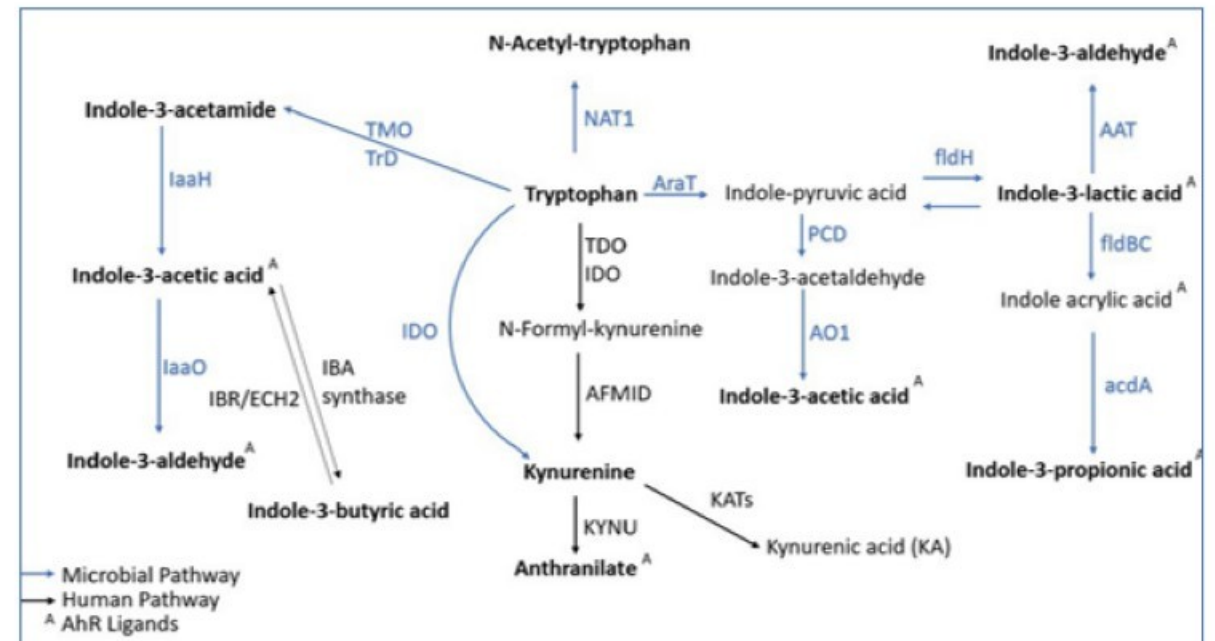
Korelace metabolického potenciálu střevního mikrobiomu (PICRUST data) se specifickými metabolity naměřenými (UHPLC-SRM/MS) ve vzorcích stolice dětí

Cílem projektu bude zodpovědět následující otázku:

„Korelují data metabolického potenciálu střevního mikrobiomu dětí s naměřenými koncentracemi vybraných metabolitů (IAA, ATA, TRP, IAld, TRP, ILA, NAcTRP, IPA, KYU)?“



~



Hlavní kroky projektu:

1. Nastudovat princip PICRUST metody
2. Zorientovat se v datech PICRUST i metabolomických a správně je spárovat (ne všechny vzorky, které jsou v PICRUST datech jsou také v metabolomických datech)
3. Připravit metabolomická data k analýze - hodnoty <LOD/ <LOQ je třeba vhodně nahradit; dále je třeba rozhodnout o vhodnosti použití všech měřených metabolitů a data vhodně transformovat
4. Připravit PICRUST data k analýze – filtrace, nahrazení nul, clr normalizace/ relativizace počtů
5. Zvolit vhodný postup korelační analýzy
6. Výsledku vizualizovat a interpretovat