

Šifra predmeta: 02-1-01

BIOINFORMATIKA

Število KT: 10

Nosilec predmeta: izr. prof. dr. Jernej Jakše

Izvajalci: prof. dr. Roman Jerala, prof. dr. Blaž Zupan, doc. dr. Uroš Petrovič, prof. dr. Tanja Kunej in vabljeni predavatelji

Št. ur: 250

Predavanj: 20
Lab. vaj: 40

Seminarskih vaj: 5
Drugo: 185

2. Pogoji za vključitev:

Splošni pogoji za vpis na doktorski študij.

3. Izobraževalni cilji in predvideni študijski rezultati: (Predmetnospecifične komponente)

Izobraževalni cilj: Seznanitev s celotnim področjem bioinformatike in trenutnimi trendi v razvoju bioinformatike in bioinformacijskih orodij. Predmet daje študentu pregled nad celotnim področjem bioinformatike in ga uvaja v raziskovalno delo na glavnih toriščih raziskav v bioinformatiki.

Študenti spoznajo specifična bioinformacijska orodja, njihove omejitve in potrebe po njihovem izboljšanju glede na razvoj raziskav v genetiki, genomiki, proteomiki, sistemski in strukturni biologiji ter v evolucijskih študijah.

Študijski rezultat: Študenti se bodo seznanili z naravo podatkov v bioloških raziskavah in z najpomembnejšimi biološkimi podatkovnimi zbirkami ter njihovo uporabo.

4. Vsebina predmeta:

- Vrste podatkov podatkovnih zbirk.
- Genomski projekti modelnih organizmov, primerjalna genomika, določevanje genov in regulatornih regij v genomih, SNP analize, genske mreže.
- Bioinformatična orodja za interpretacijo rezultatov dela z NGS sistemi, mikromrežami, aplikacije mikromrež, mutacijska analiza na genomski ravni.
- Bioinformacijska orodja v proteomiki in interaktomiki.
- Aplikacije. Bioinformatika v okoljski genomiki, farmakogenomiki.
- Sistemska biologija.
- Ontologije in zbirke znanj v bioinformatiki
- Postopki za integracijo podatkov in znanj v bioinformatiki
- Bioinformatični pristopi v kemogenomiki
- Projektno delo s specifičnimi programskimi orodji
- Praktično delo v okviru Centra za funkcijsko genomiko (MF)
- Praktično delo v laboratoriju za analizo mutant (IJS)
-

5. Temeljni študijski viri (v primeru knjig in monografij so študijski vir le izbrana poglavja iz njih):

- David W. Mount (2004) Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, USA.

- Klipp E. Et al. (2005) Systems Biology in Practice. Wiley-VCH, Weinheim, Germany.
- Knudsen S. (2004) Guide to analysis of DNA microarray data, 2nd edition. A John Wiley & Sons, Inc. Publications.
- Caroline St. Clair, Jonathan E. Visick. (2013) Exploring Bioinformatics, Second Edition, A Project-Based Approach. Jones & Bartlett Publishers.
- pregledni znanstveni članki s širšega področja bioinformatike
- originalni znanstveni članki z aktualno tematiko

6. Metode poučevanja in učenja:

Poudarek bo na praktičnih vajah z računalniki (laboratorijske vaje), enem praktičnem problemu, ki ga bo slušatelj moral rešiti in potem predstaviti vsem študentom in oddati v pisni obliki (vse skupaj 5 ur). Poskusili bomo poiskati takšne probleme, da bo njihova izvedba slušateljem koristila pri njihovem doktorskem delu. Osnovne in splošne vsebine bodo predstavljene s približno petnajstimi urami predavanj.

7. Preverjanje znanja – obveznosti študenta:

Rešitev praktičnega problema (pisno poročilo), opravljen seminar.

8. Reference izvajalcev predmeta

Jernej Jakše

1. ANTONY, Binu, SOFFAN, Alan, JAKŠE, Jernej, ALFAIFI, Sulieman, SUTANTO, Koko D., ALDOSARI, Saleh A., ALDAWOOD, Abdulrahman S., PAIN, Arnab. Genes involved in sex pheromone biosynthesis of *Ephestia cautella*, an important food storage pest, are determined by transcriptome sequencing. BMC genomics, 2015, vol. 16, str. 1-26.
2. JAKŠE, Jernej, RADIŠEK, Sebastjan, POKORN, Tine, MATOUŠEK, Jaroslav, JAVORNIK, Branka. Deep-sequencing revealed Citrus bark cracking viroid (CBCVd) as a highly aggressive pathogen on hop. Plant Pathology, 2015, vol. 64, iss. 4, str. 831-842.
3. JAKŠE, Jernej, ČERENAK, Andreja, RADIŠEK, Sebastjan, SATOVIĆ, Zlatko, LUTHAR, Zlata, JAVORNIK, Branka. Identification of quantitative trait loci for resistance to Verticillium wilt and yield parameters in hop (*Humulus lupulus* L.). Theoretical and Applied Genetics, 2013, vol. 126, no. 6, str. 1431-1443.

Roman Jerala

1. Pirher N, Ivicak K, Pohar J, Benčina M, Jerala R. A second binding site for double-stranded RNA in TLR3 and consequences for interferon activation. Nat Struct Mol Biol. 2008 15(7):761-3.
2. Vašl J, Prohinar P, Gioannini TL, Weiss JP, Jerala R. Functional activity of MD-2 polymorphic variant is significantly different in soluble and TLR4-bound forms: decreased endotoxin binding by G56R MD-2 and its rescue by TLR4 ectodomain. J Immunol. 2008 180(9):6107-15.
3. Manček-Keber M, Jerala R. Structural similarity between the hydrophobic fluorescent probe and lipid A as a ligand of MD-2. FASEB J. 2006 20(11):1836-42.

Petrovič Uroš

1. SACCHI, Lucia, BELLAZZI, Riccardo, LARIZZA, Cristiana, MAGNI, Paolo, CURK, Tomaž, PETROVIČ, Uroš, ZUPAN, Blaž. Ta-clustering : cluster analysis of gene expression profiles through temporal abstractions. *International journal of medical informatics*. [Print ed.], 2005, vol. 74, str. 505-517.
2. Curk T, Demšar J, Xu Q, Leban G, Petrovič U, Bratko I, Shaulsky G, Zupan B. (2005) VizRank: finding informative data projections in functional genomics by machine learning. *Bioinformatics*. 21:413-414.
3. Petrovič U, Šribar J, Matis M, Anderluh G, Peter-Katalinić J, Križaj I, Gubenšek F. (2005) Ammodoxylin, a secretory phospholipase A₂, inhibits G₂ cell-cycle arrest in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. *Biochem J*. 391:383-388.

Zupan Blaž

1. Bellazzi R, Zupan B (2007) Towards knowledge-based gene expression data mining. *J Biomed Inform* 40(6):787-802, 2007.
2. Curk T, Demšar J, Xu Q, Leban G, Petrovič U, Bratko I, Shaulsky G, Zupan B (2005) Microarray data mining with visual programming. *Bioinformatics* 21(3):396-8.
3. Van Driessche N, Demšar J, Booth EO, Hill P, Juvan P, Zupan B, Kuspa A, Shaulsky G (2005) Epistasis analysis with global transcriptional phenotypes. *Nat Genet*. 37(5):471-7.

Kunej Tanja

1. KUNEJ, Tanja, JEVŠINEK SKOK, Daša, ZORC, Minja, OGRINC, Ana, MICHAL, Jennifer J., KOVAČ, Milena, JIANG, Zhihua. Obesity gene atlas in mammals. *Journal of genomics*, 2012, vol. 1, str. 45-55.
2. ZORC, Minja, JEVŠINEK SKOK, Daša, GODNIČ, Irena, CALIN, George Adrian, HORVAT, Simon, JIANG, Zhihua, DOVČ, Peter, KUNEJ, Tanja. Catalog of microRNA seed polymorphisms in vertebrates. *PloS one*, 2012, vol. 7, no. 1, str. 1-8, e30737.
3. OGOREVC, Jernej, DOVČ, Peter, KUNEJ, Tanja. Comparative genomics approach to identify candidate genetic loci for male fertility. *Reprod. domest. anim.*, 2011, vol. 46, str. 229-239.