

IPBIO Teme za seminarske radove

Zadaci se rade u grupama od po dva studenta

Uspešnost ICD terapije (3 teme)

Naprasna srčana (*Sudden Cardiac Death - SCD*) smrt jedan je od najčešćih uzroka smrti i dešava se u roku kraćem od sat vremena od pojave prvih simptoma. Naprasna srčana smrt može biti uslovljena drugim srčanim bolestima, ali se može dogoditi i kod pacijenata bez drugih srčanih oboljenja. Prevencija *SCD* vrši se ugradnjom *ICD* (*IntraCardiac Defibrillator*) uređaja koji u odgovarajućim trenucima vrši slanje električnih impulsa kako bi reaktivirao srčani rad. Iako *ICD* daje dobre rezultate u prevenciji *SCD*, indikacije za ugradnju *ICD* uređaja kod pacijenata nisu u potpunosti precizne. Kod pacijenata koji su već preživeli jednu epizodu indikacija za ugradnju *ICD* je jasna, dok je predikcija potrebe za ugradnju *ICD* uređaja radi sprečavanja prve epizode *SCD* neprecizna.

Trenutni standard za predikciju *SCD* zasniva se na *EF* (*Ejection Fraction - procenat krvi koji napušta srce pri svakoj kontrakciji*) vrednosti. Ukoliko je *EF* vrednost manja od praga 30%, donosi se odluka da je ugradnja *ICD* uređaja potrebna. Ipak, ovaj prediktor je daleko od savršenog i cilj ove studije jeste da pronađe druge parametre kliničke slike pacijenata koji bi potencijalno doveli do bolje predikcije:

- rizika od smrtnog ishoda od srčanih tegoba nakon određenog perioda od trenutka evidencije (**Tema 1**)
- uspešnosti ICD terapije, koja se ogleda u aktivaciji *ICD* uređaja u potrebnom trenutku i ishoda preživljavanja (**Tema 2**)
- VT/VF (Ventricular Tachycardia and Fibrillation) stanja koje prethodi *SCD* (**Tema 3**)

Metode

Za vršenje predikcije koristiti:

- ANN (neuronsku mrežu)
- SVM
- Random Forest
- Bajesovske mreže

Podaci

Podaci, zajedno sa objašnjenima atributa, će biti dostupni grupama koje budu obrađivali zadate teme

Pronalaženje gena

Konstruisati CRF model za pronalaženje i labeliranje gena kod SARS CoV / SARS-CoV-2 izolata.

Metode

Potrebno je obraditi dve metode:

- a) Obučavanje modela na genomu SARS virusa i testiranje na genomu SARS-CoV-2 virusa
- b) Obučavanje modela na genomu SARS-CoV-2 virusa i testiranje na genomu SARS-CoV-2 virusa

Podaci

NCBI Virus: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/find-data/virus>

NCBI Virus SARS-CoV-1 interactive dashboard (datumi pre 2019!)

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/virus?SeqType_s=Nucleotide&VirusLineage_s=Severe%20acute%20respiratory%20syndrome-related%20coronavirus,%20taxid:694009

NCBI Virus SARS-CoV-2 interactive dashboard:

[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/virus?SeqType_s=Nucleotide&VirusLineage_s=Severe%20acute%20respiratory%20syndrome%20coronavirus%202%20\(SARS-CoV-2\),%20taxid:2697049&CollectionDate_dr=1950-01-01T00:00:00Z%20TO%20NOW&CreateDate_dt=1950-01-01T00:00:00Z%20TO%20NOW](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/virus?SeqType_s=Nucleotide&VirusLineage_s=Severe%20acute%20respiratory%20syndrome%20coronavirus%202%20(SARS-CoV-2),%20taxid:2697049&CollectionDate_dr=1950-01-01T00:00:00Z%20TO%20NOW&CreateDate_dt=1950-01-01T00:00:00Z%20TO%20NOW)

Literatura

Gene Prediction with Conditional Random Fields

Aron Culotta, David Kulp and Andrew McCallum

Pronalazenje DNK motiva

Konstruisati HMM za pronalaženje i labeliranje DNK motiva na osnovu PWM matrice motiva. Vrednosti PWM matrice (*Position weight matrix*) predstavljaju skorove pojedinačnih karaktera u zavisnosti od pozicije na kojoj se karakter pojavio.

Podaci

JASPAR: <https://jaspar.genereg.net/downloads/>

Literatura

Hidden Markov model and its applications in motif findings

Jing Wu 1, Jun Xie