



# FOBIA 2006

## Druhé výroční setkání



foto El Marinero

31.3.-1.4. 2006  
**Telč**

Univerzitní centrum Masarykovy university



ČSBMB - České společnosti pro biochemii a molekulární biologii  
[csbmb.vscht.cz](http://csbmb.vscht.cz)

Czech **FOBIA** Free & Open  
Bioinformatic Association  
[fobia.img.cas.cz](http://fobia.img.cas.cz)



Masarykova universita v Brně  
[www.muni.cz](http://www.muni.cz)

---

Minulé setkání - Svatý Jan pod Skalou, 1.4.2005



---

## PROGRAM

PÁTEK 31.3.2006

10:30	<i>Zahájení</i>
10:35 - 12:00	<i>ITI - ANF DATA studentská mini-konference</i>
10:35	<b>Radka Vařeková</b> Vyhledávání biologicky významných motivů v molekulách léků
10:45	<b>Hana Šustrová</b> Vyhledávání spojených motivů na povrchu molekul proteinu
11:00	<b>Zuzana Jiroušková</b> Vyhledávání nespojitých motivů na povrchu molekul proteinu
11:15	<b>Ivana Rudolfová</b> Vztah mezi lokální sekvencí a strukturou proteinu
11:30	<b>Antonín Pavelka</b> Funkční anotace fragmentů proteinů
11:45	<b>Vojtěch Bystrý</b> Hledání častých fragmentů v biomolekulách
12:00 - 13:30	<i>Oběd, distribuce materiálů, ubytování</i>
13:30 - 15:00	<i>Blok 1</i>
13:30	<b>Daniel Svozil</b> DNA Conformational Families
13:50	<b>Bohdan Schneider</b> Strukturní bioinformatika nukleových kyselin na UOChB AV ČR
14:10	<b>Radek Zíka</b> Substituční modely: teorie, implementace a využití
14:30	<b>Martin Mokrejš</b> IRESite database ( <a href="http://www.iresite.org">www.iresite.org</a> ) as a curated resource of experimental data: What did we learn during the first 2 years of its existence?
15:00 - 15:40	<i>Přestávka</i>
15:40 - 17:30	<i>Blok 2</i>
15:40	<b>Radka Storchová, Petr Divina</b> Evoluce pohlavních chromozomu
16:00	<b>Eva Chovancová</b> Fylogenetická analýza halogenalkandehalogenaz
16:20	<b>Matej Lexa</b> O podobnosti hmotnostných spektier
16:40	<b>Fatima Cvrčková</b> Bioinformatické zdroje pro jeden užitečný plevel (aneb proč je dobré pracovat na <i>Arabidopsis</i> )
17:30 - 19:00	<i>Volejbal: InSilico - Rest of the world</i>
19:30 »	<i>Večere, skupinová diskuse a zábava</i>

---

## PROGRAM

SOBOTA 1.4.2006	8:00 - 9:10	<i>Snídaně</i>
	9:10 - 10:10	<i>Blok 3</i>
	9:10	<b>Luboš Klučár</b> Anotácia genomu bakteriofaga BFK20
	9:30	<b>Eva Gelnarová</b> Nová metoda pro detekci zlomových bodů a počtu změn v kopíích genů v CGH array datech
	9:50	<b>Petr Lidman</b> Projekt EMIL: návrh a implementace inteligentního asistenta pro analýzu dat microarrays
	10:10 - 10:30	<i>Přestávka</i>
	10:30 - 11:20	<i>Blok 3</i>
	10:30	<b>Peter Šebo</b> Novy bioinformatický projekt Biotechnologického ústavu AV ČR
	10:50	<b>Karol Kružel, Jan Slaninka</b> Vyhledávání shodných molekul v databázích léků
	11:05	<b>Peter Kabát</b> Vyhledávání biologicky významných motivů v molekulách léků
	11:20 - 11:30	<i>Ukončení</i>

---

# Vztah mezi lokální sekvencí a strukturou proteinu

Ivana Rudolfová

Brno University of Technology, Božetěchova 2, 612 66 Brno, Czech Republic  
rudolfa@fit.vutbr.cz

Vztahy mezi lokální sekvencí a strukturou proteinů je možné využít pro predikci prostorové struktury proteinů. Predikce struktury proteinů ze sekvence je jednou z důležitých otázek řešených v bioinformatice. Molekula proteinu zaujímá v prostoru takové uspořádání, které je energeticky nejvýhodnější. Tohoto faktu lze využít pro predikci struktury proteinu. Nalezení energeticky nejvýhodnějšího uspořádání je však výpočetně příliš složité, protože je nezbytné vyhodnotit obrovské množství možných prostorových konformací.

Jestliže můžeme o různých krátkých sekvencích aminokyselin (fragmentech) říci, že se v přírodě vyskytují pouze v omezeném počtu různých prostorových konformací, můžeme tak výrazně omezit celkový počet možných konformací celého proteinu.

Christopher Bystroff a David Baker prováděli shlukování krátkých opakujících se sekvencí aminokyselin na základě podobnosti sekvencí i struktur a zjistili, že některé sekvence patří do jednoho shluku, se v přírodě vyskytují převážně v jedné prostorové konformaci [1]. Na základě této analýzy vytvořili databázi I-sites [2], kterou je možné využít pro predikci struktury proteinů. Ve své práci se zabývám hledáním sekvencí, které se v přírodě nevyskytují pouze v jednom prostorovém uspořádání, ale zároveň se vyskytují pouze v omezeném počtu různých prostorových konformací.

## Reference

[1] Bystroff C & Baker D (1998) Prediction of Local Structure in Proteins using a Library of Sequence-Structure motifs. *Journal of Molecular Biology* **281**, 565-577.

[2] The Bioinformatics Center at Rensselaer and Wadsworth. I-sites Home,  
[www.bioinfo.rpi.edu/applications/i-sites/Isites/](http://www.bioinfo.rpi.edu/applications/i-sites/Isites/)

---

# Substituční modely: teorie, implementace a využití

Radek Zíka

Ústav molekulární genetiky, Flemingovo nám. 2, 166 37, Praha 6, Česká Republika  
zika@img.cas.cz

Biologické sekvence se vyvíjí v čase díky náhodným evolučním změnám, které do sekvencí vnášejí substituce a in/del mutace. V molekulární evoluční biologii se při rekonstrukci fylogenetických stromů i odhadu evolučních vzdáleností vychází z pozorování mutací orthologních nukleotidových sekvencí.

Při statistické analýze počtu mutací v biologických sekvencích se používají matematické substituční modely vycházející z teorie Markovových řetězců. Statistické závěry těchto modelů nacházejí uplatnění mj. pro odhad a korekce vícenásobných mutací v sekvencích. Komplexita modelů sahá od nejjednodušších (nerozlišuje povahu a četnost jednotlivých substitucí) až po mnohparametrické modely zahrnující místně specifické četnosti a distribuce.

Detailní analýzou substitucí v nukleotidových sekvencích lze pozorovat posun poměru synonymních a nesynonymních mutací (jako tzv.  $d_n/d_s$  poměr) způsobený vlivem přirozené selekce, charakterizovat oblast působení selekčního tlaku a diskutovat historii evolučních událostí.

Pro rozšíření analýzy  $d_n/d_s$  je třeba větší množství programů umožňujících práci se substitučními modely, případně s preferencemi (vahami) kodonů. V tomto příspěvku jsou představeny dva programy, které usnadňují přípravu alignmentu a následné vyhodnocení dat.

---

# IRESite database ([www.iresite.org](http://www.iresite.org)) as a curated resource of experimental data: What did we learn during the first 2 years of its existence?

Martin Mokrejš<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Science, Charles University, Viničná 5, 128 43, Prague, Czech Republic

<sup>2</sup>Bioinformatics, Donovalská 1658, 149 00, Prague, Czech Republic

[mmokrejs@iresite.org](mailto:mmokrejs@iresite.org)

IRESite database (<http://www.iresite.org>) presents exhaustively annotated experimental data about IRES (Internal Ribosome Entry Site) segments known for almost 20 years now. The IRES segments were reported from at least 58 viruses and at least 79 eukaryotic cellular mRNAs and facilitate in an alternative fashion initiation of the translation of RNA molecules while they do not contain the so called 7mG(5')ppp(5')G cap structure at their 5' terminus. The cap structure is recognized by cellular protein components of the initiation complex and thus are necessary for conventional translation initiation.

We are presenting fully functional database with its first data. Currently, the 48 IRES segments out of the 137 expected are accommodated in the database. Every individual record is characterized by up to 92 parameters describing the methodology used to prove existence of the respective IRES segment, its basic characteristics like primary sequence, length, secondary structure (when known), relative position of IRES within experimentally used plasmid vectors (and thus in expressed mRNAs), relative IRES activity in scale to the positive control used (or negative control when no positive control was employed). IRESite also presents information about regions complementary to rRNA, about proteins modulating IRES activity (ITAFs, IRES trans-acting factors) and a lot more. Users can search IRESite through two search interfaces. IRESite is a free resource and so far it has been filled by a team of biologically trained curators with data published in the literature. Nowadays, scientists are welcome to submit their own data directly and to exploit the data content.

---

## Evolve pohlavních chromozomů

Radka Storchová, Petr Divina

Ústav molekulární genetiky AVČR, Vídeňská 1083, 142 20, Praha 4, Česká Republika

[radkas@biomed.cas.cz](mailto:radkas@biomed.cas.cz), [divina@biomed.cas.cz](mailto:divina@biomed.cas.cz)

Homogametické pohlavní chromozomy, X a Z, hrají mimořádnou roli v několika významných evolučních procesech, jako je například pohlavní výběr nebo speciace. Ve snaze porozumět genetické podstatě těchto základních evolučních procesů bylo vynaloženo velké úsilí na zjištění genového obsahu pohlavních chromozomů a na odhalení selekčních tlaků, které na pohlavní chromozomy působí. Většina studií zabývajících se genovým obsahem chromozomu X (homogametického pohlavního chromozomu u organismů s heterogametickými samci) objevila nenáhodný obsah genů s preferenční či vylučnou expresí v jednom pohlaví. Testovali jsme, jestli se tento jev týká také chromozomu Z – homogametického pohlavního chromozomu u organismů s heterogametickými samicemi. Jako modelový organismus jsme použili kur domácí, *Gallus gallus*, jehož genomová sekvence je známá a zároveň jsou veřejně dostupná expresní data. Naše výsledky ukazují, že chromozom Z kura domácího je signifikantně ochuzený o geny specifické pro vaječníky. Dále jsme zjistili ochuzení chromozomu Z o geny s preferenční expresí v samčím mozku, zatímco geny přednostně exprimované v samčím mozku byly na chromozomu Z nadměrně zastoupené. Porovnání genového obsahu homogametických pohlavních chromozomů X a Z by mohlo přispět k odhalení selekčních tlaků působících na pohlavní chromozomy a následně na jejich mimořádnou roli v pohlavním výběru a speciaci.

---

# Fylogenetická analýza halogenalkandehalogenáz

Eva Chovancová<sup>1</sup>, Jan Kosinski<sup>2</sup>, Janusz M. Bujnicki<sup>2</sup>, Jiří Damborský<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratoře, Masarykova univerzita, Kamenice 5, 625 00, Brno, Česká Republika

<sup>2</sup>Laboratoř bioinformatiky a proteinového inženýrství,

Mezinárodní ústav molekulární a buněčné biologie, ul.Ks Trojdena 4, 02 109 Varšava, Polsko

akllupe@chemi.muni.cz

Halogenalkandehalogenázy (EC 3.8.1.5) jsou bakteriální enzymy štěpící vazbu uhlík halogen hydrolytickým mechanismem. Doposud byla aktivita halogenalkandehalogenáz detekována u 14 proteinů. Řadu dalších proteinů potenciálně patřících do této rodiny lze nalézt v sekvenčních databázích. Cílem této studie bylo provést fylogenetickou analýzu halogenalkandehalogenáz a získat tak ucelené informace týkající se příslušníků této proteinové rodiny a jejich evoluční historie. Výsledky studie by dále měly přispět k porozumění principům enzymové katalýzy a strukturně funkčních vztahů těchto proteinů. Více než 3000 proteinových sekvencí halogenalkandehalogenáz a jejich homologů bylo získáno prohledáváním databází pomocí PSI-BLAST [1]. Analýza vzájemných vztahů mezi sekvencemi byla provedena shlukovou analýzou za použití programu CLANS [2]. Sekvence z klastru halogenalkandehalogenáz byly použity pro rekonstrukci fylogenetických stromů metodou maximální věrohodnosti (angl. maximum-likelihood) [3] a metodou sousedů (angl. neighbor joining) [4]. Při výpočtech bylo testováno několik modelů evoluce a pro zakořenění fylogenetických stromů byly použity tři různé skupiny proteinů příbuzných halogenalkandehalogenázám. Navržená fylogenetická hypotéza byla dále testována za použití statistických technik [5].

Fylogenetická analýza naznačila rozdělení rodiny halogenalkandehalogenáz do tří podrodin (HAD I, HAD II a HAD III). Většina experimentálně charakterizovaných proteinů této rodiny (9 ze 14) je zastoupena v podrodině HAD II. Umístění kořene na fylogenetickém stromu halogenalkandehalogenáz naznačuje, že během evoluce došlo nejprve k odštěpení podrodiny HAD II od zbytku rodiny a teprve k pozdějšímu oddělení podrodin HAD I a HAD III. Na evolučně bližší příbuznost podrodin HAD I a HAD III poukazují také výsledky statistických metod. Výsledky evolučních studií halogenalkandehalogenáz byly dále využity pro analýzu konzervovanosti jednotlivých částí proteinů. Celkově provedené analýzy umožnily identifikaci nových příslušníků rodiny, jejich klasifikaci a předpověď jejich funkčních, biochemických a strukturních vlastností. Halogenalkandehalogenázy s potenciálně zajímavými vlastnostmi budou naklonovány a podrobeny biochemické charakterizaci s cílem získat proteiny s novými charakteristikami příhodnými pro praktické využití.

## Reference

- [1] Altschul SF, Madden TL, Schaffer AA, Zhang JH, Zhang Z, Miller W, & Lipman DJ (1997) *Nucleic Acids Research* **25**, 3389-3402.
- [2] Frickey T & Lupas A (2004) *Bioinformatics* **20**, 3702-3704.
- [3] Guindon S & Gascuel O (2003) *Systematic Biology* **52**, 696-704.
- [4] Saitou N & Nei M (1987) *Molecular Biology and Evolution* **4**, 406-425.
- [5] Strimmer K & von Haeseler A (1997) *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* **94**, 6815-6819.

---

# Nová metoda pro detekci zlomových bodů a počtu změn v kopiích genů v CGH array datech

Eva Budinská<sup>1</sup>, Eva Gelnarová<sup>1</sup>, Michael G. Schimek<sup>2,1</sup>

<sup>1</sup>*Centrum Biostatistiky a Analýz, Masarykova Universita, Brno, Česká Republika*

<sup>2</sup>*Institute for Medical Informatics, Statistics and Documentation, Medical University of Graz, Graz, Austria*  
gelnarova@cba.muni.cz

CGH array experimenty se staly užitečným nástrojem pro analýzu změn v DNA a to obvykle porovnáváním zkoumané DNA s kontrolní DNA. Výstupem těchto microarray experimentů je obrovské množství dat, jejichž statistické zpracování vyžaduje speciální nástroje pro detekci oblastí změn v DNA.

V příspěvku bude představena nová metoda pro detekci bodů zlomu a detekci počtu změn v kopiích genů v CGH array datech. Před vlastní analýzou jsou data předpřipravena vyhlazovací metodou, založenou na regresních kvantilech, kterou navrhli Eilers a Menezes [1].

Nová metoda pro detekci bodů je založena na předpokladu prostorového uspořádání změn kopií genů a na skokovém charakteru změn log-ratios. Představovaná metoda je sekvenční a je založena na sledování změn variability log-ratios v klouzavém okně fixního rozměru. Variabilita log-ratios v každém okně je odhadována modifikovanou MAD (median absolut deviation). Základní idea je, že pro okna, které obsahují bod zlomu, je charakteristická velká variabilita log-ratios. Bod zlomu je detekován, když variabilita log-ratios v okně překročí odhadnutou kritickou hodnotu. Odhadem kritické hodnoty je kvantil empirického rozdělení variability v datovém souboru

## Reference

[1] Eilers PHC & de Menezes RX (2005) Quantile smoothing of array CGH data. *Bioinformatics*, **21**, 1146–1153.



---

## O podobnosti hmotnostních spekter

Matej Lexa

Masarykova Univerzita, Fakulta Informatiky, Botanická 68a, 602 00 Brno, Česká Republika  
lexa@fi.muni.cz

Hmotnostní spektrometrie proteinů se stává důležitou experimentální metodou biomedicínského výzkumu i praxe. V souvislosti s tím se hromadí velké množství dat, které se přímo nabízejí pro nové druhy analýz. Analýza většího počtu spekter může být užitečná při interpretaci spekter nových, buď jako nástroj pro identifikaci neznámých signálů, popřípadě k identifikaci post-translačních modifikací, či klasifikaci celého spektra na základě jeho podobnosti k jiným měřením.

V současnosti je na PřF MU v Brně aktuální otázka využití hmotnostní spektrometrie jako nástroje pro identifikaci mikroorganismů a přiřazení daného organismu na základě měření do určité skupiny. Vzorek se prakticky nijak nepřipravuje, výsledné spektrum pravděpodobně obsahuje převážně signály odpovídající jednotlivým proteinům. Elementární operací při vyhodnocování takových měření je zjišťování podobnosti mezi různými spektry [1]. Budu prezentovat způsoby, kterými je možné spektra porovnávat, od jednoduchých metrik jakou je počet společných píků až po metody, které počítají s možností post-translačních modifikací. Budu taky prezentovat možnosti využít tyto výpočty pro identifikaci a klasifikaci.

### Reference

- [1] Ramakrishnan SR *et al.*, A fast coarse filtering method for protein identification by mass spectroscopy, Technical Report TR-05-06, The University of Texas at Austin, March 9, 2005.

---

## Bioinformatické zdroje pro jeden užitečný plevel (aneb proč je dobré pracovat na *Arabidopsis*).

Fatima Cvrčková, Denisa Pícková, Michal Grunt

Přírodovědecká fakulta UK, Viničná 5, 128 44 Praha 2, Česká Republika  
fatima@natur.cuni.cz

Přednáška bude pokusem o stručný přehled možností, které (nejen) rostlinnému genetickovi skýtají veřejně dostupné bioinformatické zdroje specificky zaměřené na tuto modelovou rostlinu. Informační infrastruktura huseničkové komunity, organizovaná především kolem webového portálu TAIR [1], je poměrně dobře propracovaná a poskytuje přístup nejen k poslední verzi anotovaného genomu *Arabidopsis* (včetně BLAST a FASTA serveru a dalších nástrojů), ale i k databázím literatury, ke katalogům veřejných depozitářů biologického materiálu, z nichž lze přímo získat klony či geneticky definované osivo pro vlastní experimentální práci, a k nesequenčním databázím zaměřeným především na genovou expresi [2,3,4]. Mimo TAIR si pozornost dále zasluhuje především databáze SIGnAL [5] a s ní spojené nástroje. Mapovací nástroj "T-DNA Express" umožňuje vyhledávání údajů o klonovaných cDNA a zamapovaných mutacích v rámci genomu, a součástí databáze jsou i výsledky mapování transkribovaných oblastí s využitím mikroarrayů [6].

Dotknou se však i některých úskalí spojených s využíváním těchto zdrojů, tak, jak je lze demonstrovat na zkušenostech získaných v naší laboratoři zejména při studiu genové rodiny rostlinných forminů [7,8]. Zdrojem nesnází bývá především často problematická kvalita anotace genomových lokusů a návazná propagace chyb, které v extrémním případě mohou v důsledku mylného přiřazení sond i částečně znehodnotit transkriptomická data. Navzdory významnému pokroku v kvalitě anotací genomu tedy zůstává nutností podrobná "manuální" revize struktury a anotace genů, kterými se hodláme zabývat [9], alespoň tam, kde dosud není k dispozici experimentálně zjištěná sekvence cDNA.

Prezentace zahrnuje výsledky práce podporované granty GAČR 204/05/0268, GAAV B600380601 a MŠMT LC06004 "Genom".

### Reference

- [1] The Arabidopsis Information Resource (TAIR). <http://arabidopsis.org>  
[2] NASCArrays – the Nottingham Arabidopsis Stock Centre's microarray database. <http://affymetrix.arabidopsis.info/narrays/experimentbrowse.pl>  
[3] Zimmermann P *et al.* (2004) *Plant Physiology* **136**, 2621-2632.  
[4] Geneinvestigator. <http://www.geneinvestigator.ethz.ch>  
[5] Salk Institute Genomic Analysis Laboratory (SIGnAL). <http://signal.salk.edu>  
[6] Yamada K *et al.* (2003) *Science* **302**, 842-846.  
[7] Cvrčková F *et al.* (2004) *BMC Genomics* **5**, 44.  
[8] The plant formin-like (FH2) proteins - version 2.0. <http://kfrserver.natur.cuni.cz/genes/formins/>  
[9] Cvrčková F: Úvod do praktické bioinformatiky. Academia, Praha, 2006.

---

# Projekt EMIL: návrh a implementace inteligentního asistenta pro analýzu dat microarrays

Petr Lidman<sup>1,2</sup>, Eva Budinská<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Masarykův onkologický ústav, Žlutý kopec 7, 656 53, Brno, Česká Republika

<sup>2</sup>Centrum biostatistiky a analýz, Lékařská fakulta MU, Kamenice 126/3, 625 00, Brno, Česká Republika  
lidman@mou.cz

Analýza dat genové exprese získaných pomocí techniky microarrays je v současné době prudce se rozvíjející oblastí bioinformatiky. Soubory takových dat charakterizují až tisíce atributů (genů, sloupců tabulky) a zároveň většinou malé množství dostupných vzorků (pacientů, řádků tabulky). To jsou důvody, proč běžně používané statistické metody v této oblasti nedosahují příliš přesvědčivých výsledků. Nasazuje se tedy strojové učení, které má potenciál vyšší přesnosti a spolehlivosti – často však za cenu mnoha pokusů nezbytných pro správnou volbu parametrů a jejich vah, a s rizikem nízké znovupoužitelnosti konkrétního experimentu. Oběma přístupům je navíc společná další inherentní potíž analýzy komplexních biologických dat: technická a časová náročnost celého procesu, který se skládá z více kroků, jako je příprava a normalizace dat. Tyto kroky pak obnášejí nutnost ovládnutí často složitých používaných nástrojů a konverzi dat mezi jejich výstupy a vstupy.

Navrhovaným řešením zmíněných problémů je projekt EMIL (Effective Microarray IntelLigence) vyvíjený v rámci projektu UIRON (Universal Information Robot for ONcology). Tvorba asistenta, hlavní cíl tohoto projektu, spočívá v tzv. doménizaci pravidlového systému UIR pro oblast analýzy dat microarrays. Doménizace je proces učení „prázdného“ systému pomocí definic a pravidel zapsaných v mírně formalizované, hierarchicky strukturované přirozené řeči. Asistenta takto seznamujeme s koncepty, které danou oblast utvářejí, konkrétními základními fakty a zákonitostmi, které tam oblasti platí.

Hlavním přínosem asistenta bude sjednocení a zjednodušení celého procesu, který je spjatý s analýzou. Asistent díky doménové znalosti oblasti nabídne pro každý krok procesu dostupné operace vhodné pro daný typ dat, případně je provede a zobrazí jejich vizuální srovnání nebo přímo doporučený výběr podle předem definovaných kritérií. Postará se také o konverzi dat mezi jednotlivými kroky. Důležitým rysem je spolupráce s používanými softwarovými nástroji, které jsou schopny komunikovat bez interakce s uživatelem. Propojení je realizováno pomocí odpovídajících vstupně-výstupních adaptérů. Není tedy vyžadována znalost práce s těmito nástroji a zároveň není nutné od základu programovat již implementované používané metody. Je nicméně možné rozšířit intelekt asistenta o vlastní metody, postupy pro hledání znalostí v datech či jiné operace.

Protože základ asistenta tvoří pravidlový systém, je další zásadní výhodou tohoto řešení možnost snadno a s okamžitou platností měnit jeho funkcionalitu, kdykoli se v podporované oblasti objeví nové skutečnosti jako například formát vstupních dat, analytický nástroj nebo metoda zpracování dat. Změnu je možné provést pouhým přepsáním či přidáním výše zmíněných sentencí strukturované přirozené řeči.

Projekt je podporován grantem AV ČR a MZ ČR (projekt MZO 00209805 FUNDIN).

## Reference

- [1] Staníček, Z. & Procházka, F., Business Rule Engines a konstrukce IS. Proc. DATAKON 2004, pp. 57-84.
- [2] Stekel D. Microarray Bioinformatics, 2003.

---

## Setkání se účastní:

Vojtěch Bystrý	98640@mail.muni.cz
Fatima Cvrčková	fatima@natur.cuni.cz
Alena Čížková	alena.cizkova@lf1.cuni.cz
Petr Divina	divina@biomed.cas.cz
Naoko Fujimura	fujimura@biomed.cas.cz
Eva Gelnarová	gelnarova@cba.muni.cz
David Homolka	davidh@biomed.cas.cz
Zuzana Hořejší	zhora@img.cas.cz
Eva Chovancová	akllupe@chemi.muni.cz
Robert Ivánek	ivanek@biomed.cas.cz
Zuzana Jiroušková	xjirousk@mail.muni.cz
Peter Kabát	cezar@mail.muni.cz
Luboš Klučár	klucar@embnet.sk
Zbyněk Kozmík	kozmik@img.cas.cz
Karol Kružel	chas@mail.muni.cz
Matej Lexa	lexa@fi.muni.cz
Petr Lidman	lidman@fi.muni.cz
Martin Mokrejš	mmokrejs@ribosome.natur.cuni.cz
Pether Nather	
Lenka Nosková	Lenka.Noskova@lf1.cuni.cz
Jan Pačes	hpaces@img.cas.cz
Jan Paul	paulj@biomed.cas.cz
Antonín Pavelka	99207@mail.muni.cz
Ivana Rudolfová	rudolfa@fit.vutbr.cz
Bohdan Schneider	bohdan@rcsb.rutgers.edu
Jan Slaninka	xslanink@fi.muni.cz
Vojtěch Spiwok	vojtech.spiwok@vscht.cz
Radka Storchová	radkas@biomed.cas.cz
Hynek Strnad	strnad@img.cas.cz
Daniel Svozil	svozil@uochb.cas.cz
Peter Šebo	sebo@biomed.cas.cz
Dalibor Štys	
Hana Šustrová	xsustrov@fi.muni.cz
Honza Urban	
Honza Vaněk	vanekyj@kky.zcu.cz
Radka Vařeková	radka.varekova@siemens.com
Jiří Vondrášek	jiri.vondrasek@uochb.cas.cz
Radek Zíka	zika@img.cas.cz