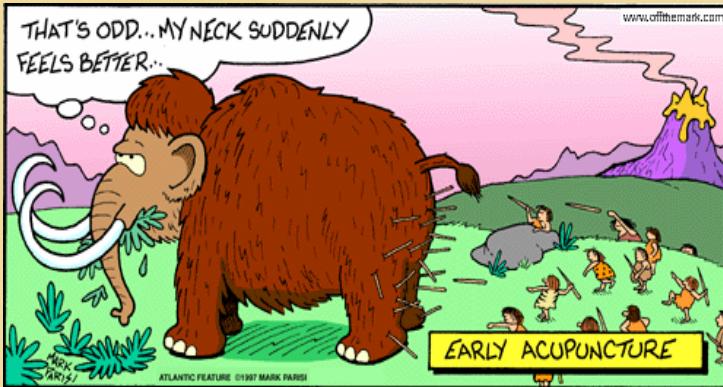


Institut biostatistiky a analýz představení učitelů

Jiří Jarkovský



Jak to všechno začalo



- Základní škola – zájem o vše možné
- Gymnázium – zájem o biologii a počítače
- Kam dále?
- Maturita
biologie/matematika
- Vzhůru za biologií na MU



Biologie na MU

- První zjištění: vysoká škola je něco zcela jiného než dřívější studium
- Přednášky a cvičení – méně důležitá část :-)



- Nezbytnost najít si svůj obor působnosti a najít si ho RYCHLE

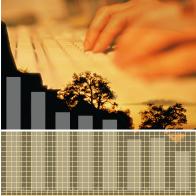


- Po dvou letech hledání



- Oddělení parazitologie



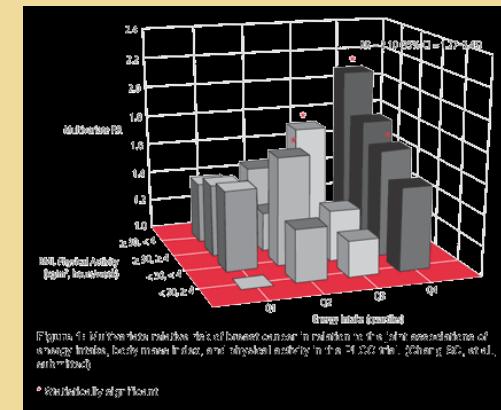


Parazitologie a statistika I

- Zajímavá věda a zajímavá data
- 1999 - diplomová práce:
„Diverzita společenstev vícebuněčných cizopasníků jelce tlouště (*Leuciscus cephalus*) v podmírkách environmentálního stresu“



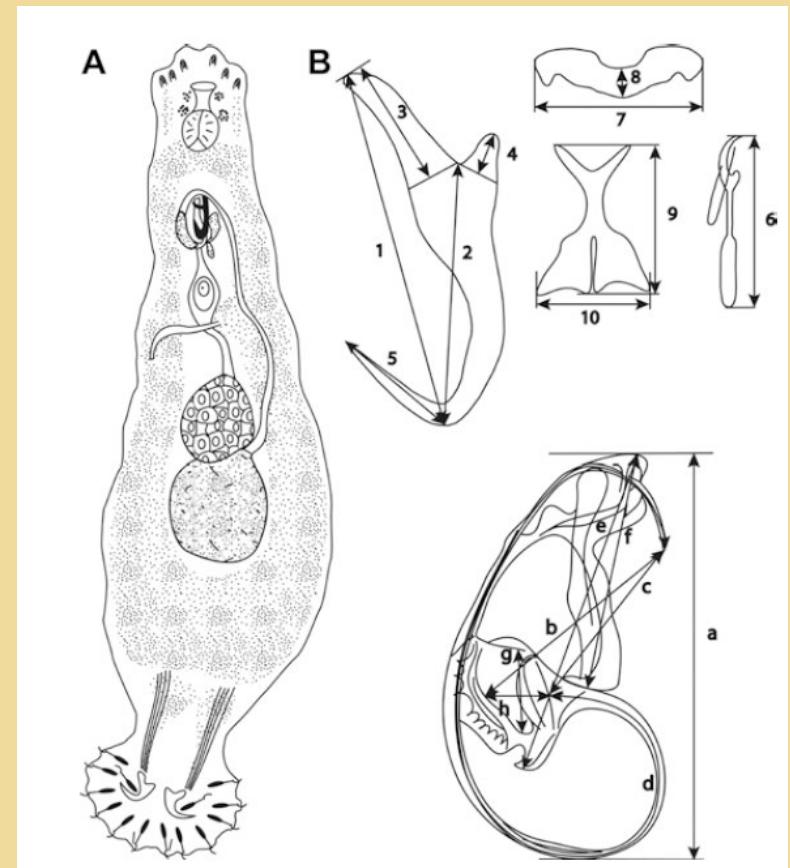
- Velký objem dat
- Nezbytnost s nimi něco statisticky udělat
+ statistika je také zajímavá





Parazitologie a statistika II

- Od 1999 DSP v oboru parazitologie
 - Analýza parazitárních společenstev i hodnocení jednotlivých druhů
 - Hodnocení biodiverzity
 - Vícerozměrná analýza
- 
- Stále větší posun k analýze dat
 - University of Perpignan:
spolupráce v analýze dat
- 
- 2001 – účast na konkurzu na IBA





Působení na IBA

- Od roku 2002
 - Hlavní specializace – analýza společenstev a z toho vyplývající postupy a jejich aplikace i v jiných oblastech
 - Hodnocení biodiverzity
 - Vícerozměrná analýza dat
 - Výuka a matematická biologie
-
- 2004 – DSP práce „Aplikace moderních matematických metod hodnocení biodiverzity při studiu společenstev cizopasníků“
 - 2005 – RNDr. práce „Návrh robustní vícerozměrné metody hodnocení kvality povrchových vod“

Matematická biologie

Lékařská fakulta MU

- Analýza klinických dat (BMAK051)
- Plánování a optimalizace experimentů (BMOE061)

Přírodovědecká fakulta MU

- Biostatistika (Bi5040)
- Vícerozměrné statistické metody (Bi8600)
- Statistické hodnocení biodiverzity (Bi5980)
- Základy stochastického modelování (Bi7490)
- Analýza dat na PC I (Bi7541)
- Analýza dat na PC II (Bi8660)



S čím se na mně můžete obracet

- Vaše studium
 - Vše co na třídního učitele (Danka Némethová) v kopii i na mne
 - Obracejte se na nás se všemi studijními problémy
- Věda a práce na projektech
 - Populace, společenstva, ekologie, organismy a prostředí
 - Vícerozměrná analýza v různých biologických, medicínských a antropologických aplikacích
 - Microarrays



„TRITON“

- Biomonitoring povrchových vod
 - Chemické a další abiotické ukazatele
 - Společenstva makrozoobentosu, metadata o druzích
- Cca 300 lokalit se sběrem společenstev, 1000 s abiotickými parametry (časové řady 10 let)
- Pokrytí projektem MŽP
- Problémy k řešení - hlavní
 - Shluková analýza (neeuclidovské metriky)
 - Robustní klasifikace
 - Predikce očekávaných hodnot a ověření její robustnosti
 - Ověření kvality podkladových dat – bootstrap, jack-knife
- Další možnosti analýz
 - Valenční křivky – průběh závislosti výskytu druhu na gradientu prostředí
 - Species abundance modely
 - GIS analýzy
- Kontaktní osoba: Jarkovský



Společenstva sinic

- Společenstva vodního květu
 - Složení společenstev sinic a dalších organizmů vodního květu
 - Časové řady Brněnská přehrada
 - Společenstva vodního květu na třeboňských rybnících – v případě úspěchu grantu
- Problémy k řešení
 - Vícerozměrná analýza společenstev
 - Časové řady společenstev
 - Analýza biodiverzity – druhová diverzita, diverzita proteinů a morfotypů
 - Species abundance modely
 - Analýza morfotypů – analýza tvarů
- Kontaktní osoba: Némethová po konzultaci s B. Maršálkem



Microarrays

- Exprese/výskyt genů – stovky až tisíce genů pro jednoho pacienta
- Dostupná data
 - Prof. Jarošová – CGH arrays, veterina – CGH arrays baktérií
 - Hledání zlomů v prostorově uspořádaných hodnotách
 - Kontaktní osoba - Budínská
 - Veterina – expresní arraye
 - Design microarray experimentu – velikost vzorku, kvantifikace variability opakovacích experimentů
 - Kontaktní osoba – Jarkovský
 - CAMDA 2006
 - Soutěž v analýze microarrays dat – získání zajímavých výsledků jakýmkoliv způsobem
 - Chronický únavový syndrom – expresní, CGH, proteinová arraye + klinická data
 - Současný stav – zřejmě nemáme šanci udělat odpovědně analýzu, nicméně je zde prostor pro jakékoliv hraní
 - Kontaktní osoba - Jarkovský
 - Obecné microarray problémy
 - Shluková analýza, klasifikace
 - Testování významnosti
 - Genomic traits – propojení metadat o funkčnosti genů a jejich vazbách s daty microarrays
 - nové nastartování spolupráce s LOM, další kontakty – Olomouc, volně šířitelná data (např. Stanford microarrays databáze)
 - Kontaktní osoby – Pavlík, Budínská, Jarkovský