

## Formulár ZK - Záverečná karta projektu

Riešiteľ: Mgr. Ľuboš Kľučár, PhD.	Evidenčné číslo projektu: APVT-51-02504
Názov projektu: Bioinformatický prístup k určeniu mechanizmov regulácie génovej expresie bakteriofágov	

Na ktorých pracoviskách bol projekt riešený:	Ústav molekulárnej biológie SAV, Bratislava
	Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta
	Univerzita Komenského v Bratislave, Fakulta matematiky, fyziky a informatiky
Ktoré zahraničné pracoviská spolupracovali pri riešení (názov, štát):	

Udelené patenty alebo podané patentové prihlášky, vynálezy alebo úžitkové vzory vychádzajúce z výsledkov projektu:	
Publikácie (knihy, články, prednášky, správy a pod.) zhrňujúce výsledky projektu (uved'te i publikácie prijaté do tlače alebo pripravované):	<p>Bukovska, G., Klucar, L., Vlcek C., Adamovic, J., Turna, J., Timko, J. (2006): Complete nucleotide sequence and genome analysis of bacteriophage BFK20 - A lytic phage of the industrial producer <i>Brevibacterium flavum</i>. <i>Virology</i> <b>348</b>, 57-71.</p> <p>Farkasovska, J., Klucar, L., Vlcek, C., Kokavec, J., Godany, A. Complete Genome Sequence and Analysis of the <i>Streptomyces aureofaciens</i> Phage <math>\mu</math>1/6. (2007) <i>Folia Microbiol.</i> <b>52</b>(4): 347-358</p>
<i>Uvádzajte maximálne päť najvýznamnejších publikácií.</i>	<p>Klucar, L., Hajduk, M., Stano, M., Novakova, R: phiSITE - a database of gene regulatory networks in bacteriophages. <i>Bioinformatics</i> (pripravované)</p> <p>Biskupicova, I., Stano, M., Klucar, L. (2006): phiSITE – a database of gene regulatory networks in bacteriophages. XX. Biochemicky zjazd, Piestany, 12 – 16 September 2006, pp 104. (poster)</p> <p>Klucar, L.: phiSITE - a database of gene regulatory networks in bacteriophages. Workshop on Collaborative Bioinformatics 2007 (RIBIO/EMBnet), Malaga, Spain, 11-14 Jun 2007. (prednáška)</p>
V čom vidíte uplatnenie výsledkov tohto projektu:	Vybudovaný databázový systém phiSITE voľne prístupný prostredníctvom webového portálu <a href="http://www.embnet.sk/phisite/">http://www.embnet.sk/phisite/</a> , predstavuje jedinečný informačný zdroj pre štúdium regulácie génovej expresie bakteriofágov.

Podpisom záverečnej karty riešiteľ vyjadruje svoj súhlas ku zverejneniu údajov v nej uvedených.

Podpis riešiteľa: .....

Dátum: 30. januára 2008.....

# Charakteristika výsledkov

Evidenčné číslo: APVT-51-0250

## Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - slovensky:

Hlavným cieľom projektu "Bioinformatický prístup k určeniu mechanizmov regulácie génovej expresie bakteriofágov", ktorý bol podporený v rámci sekcie "Podpora mladých" 3. výzvy grantovej agentúry APVT, bola extrakcia údajov o experimentálne potvrdených ako aj predpovedaných regulačných elementoch génovej expresie bakteriofágov a následný vývoj systému na vyhľadávanie potencionálnych regulačných motívov v genómoch s neznámym mechanizmom regulácie génovej expresie. Na projekte sa zúčastnil Ústav molekulárnej biológie SAV ako hlavný riešiteľ a Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta a Fakulta matematiky, fyziky a informatiky ako kooperujúce organizácie. Podstatnou a najobsiahlejšou témou projektu bol návrh, tvorba a aktualizácia databázy phiSITE, ktorá zhromažďuje a popisuje základné elementy fágového genómu, ktoré sa podieľajú na regulácii expresie jeho génov a riadení jeho životného cyklu (<http://www.embnet.sk/phisite/>). V priebehu riešenia projektu sa nám podarilo zhromaždiť informácie o niekoľkých stovkách fágových regulačných elementov z asi 40 fágov s úplne alebo čiastočne známym genómom. Zhromaždené údaje sú záujemcom prístupné tak v textovej ako aj v prehľadnej grafickej podobe, pričom je systém schopný poskytnúť žiadané údaje v rôznych exportných formátoch vrátane formátu SBML (Systems Biology Markup Language). Ďalším výstupom projektu je príprava a aplikácia radu matematických prístupov určených na detekciu nových regulačných elementov génovej expresie. Použili sme pri tom metódy detekcie konzervatívnych motívov pomocou matic váh (PWM), klastrovú analýzu alebo náš pôvodný analyzačný nástroj *Free Energy Counter*. Všetky tieto prístupy sme použili pri detekcii a analýze cis-regulačných elementov bakteriofágov BFK20 a  $\mu$ 1/6. V oboch genómoch sa podarilo predpovedať lokalizáciu promótorových a operátorových oblastí. Veríme, že zaujímavým prínosom tohto projektu je aj nadviazaná spolupráca vedecko-vzdelávacích pracovísk z oblasti molekulárnej biológie a aplikovanej informatiky.

## Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - anglicky:

The Main aim of the project entitled "Bioinformatic approach to discovery of gene regulatory networks in bacteriophages", supported by the 3rd general call of APVT agency, section "Support of Young Scientists", was to extract of all available information about experimentally confirmed and predicted regulatory elements in bacteriophages and their host organisms and subsequently build a system for searching potential regulatory motifs in genomes with unknown regulatory network. The project was collaboration of Institute of Molecular Biology SAS as a principal investigator organisation and Comenius University Bratislava, Faculty of Natural Sciences and Faculty of Mathematics, Physics and Informatics as cooperating organisations. The main and the most extensive objective of the project was design, building and update of phiSITE database, collecting and describing essential elements of phage genomes important for their gene and life cycle regulation (<http://www.embnet.sk/phisite/>). The project enabled us to collate several hundreds of phage regulatory elements from about 40 different bacteriophages with completely or partially know genome sequences. Collected data are publicly available in both text and graphical form and the system is able to provide required data in several different output formats, including SBML (Systems Biology Markup Language). Another output of the project is set-up and application of diverse mathematical approaches for detection of new gene expression regulatory elements. We have employed detection of conservative motives using weight matrixes (PWM), cluster analysis or our *Free Energy Counter* program. All this approaches has been used in detection and analysis of cis-regulatory elements in BFK20 and  $\mu$ 1/6 phage genomes. We have succeeded in promoter and operator prediction in both of these genomes. Important contribution of the project is also established collaboration between research and educational institutions from the area of Molecular Biology and Informatics in Slovakia.

Podpis riešiteľa: .....