

»BIOINFORMATIKA IN UMETNA INTELIGENCA NA PODROČJU ODKRIVANJA MOLEKULARNIH BIOOZNAČEVALCEV ZA NAPOVED POTEKA IN ZDRAVLJENJA KRONIČNIH IMUNSKIH BOLEZNI«

v okviru » »Problemsko učenje študentov v delovno okolje: gospodarstvo, negospodarstvo in neprofitni sektor v lokalnem/regionalnem okolju 2024-2027 (PUŠ v delovno okolje 2024-2027) - 2. odpiranje«

Operacijo sofinancirata Republika Slovenija in Evropska unija iz Evropskega socialnega sklada plus

Na zaključnem dogodku dne 22.6.2026, je bila predstavljena projektna naloga s pomočjo PowerPoint predstavitev z naslovom Bioinformatika in umetna inteligenca pri odkrivanju biooznačevalcev kroničnih imunskih bolezni. V uvodnem delu so bili predstavljeni namen projekta, uporaba bioinformatike in umetne inteligence pri identifikaciji molekularnih biooznačevalcev ter pomen razvoja napovednih modelov za personalizirano zdravljenje kroničnih imunskih bolezni, kot so kronična vnetna črevesna bolezen, astma in multipla skleroza.

Sledila je predstavitev poteka projektnega dela, ki je vključevalo spoznavanje iskanja literature v PubMed in MeSH, uporabo odprtih podatkov, delo s podatki iz SRA, osnove programskega okolja R, uvajanje v genetski laboratorij, spoznavanje PCR, RT-qPCR in Sangerjevega sekvenciranja ter osnov bioinformatične analize RNA-seq podatkov. Predstavljena so bila tudi pridobljena znanja študentov, pedagoškega mentorja in delovnega mentorja.

Osrednji del predstavitve je bil namenjen rezultatom posameznih podsklopov projekta. Pri KVČB je bil poudarek na analizi odziva na anti-TNF terapijo, kjer so bili izpostavljeni geni, povezani s predstavitvijo antigenov, humoralnim imunskim odzivom, aktivnostjo NK celic in interferonsko signalizacijo. Pri astmi so bili predstavljeni rezultati analiz odziva na benralizumab in omalizumab, s poudarkom na genih, povezanih s celično signalizacijo, metabolizmom, mitohondrijsko funkcijo, transkripcijo in imunskim odzivom. Pri multipli sklerozi je bila predstavljena analiza odziva na zdravljenje z interferonom β , kjer so izstopali geni, povezani s protivirusnim odzivom, signalizacijo tipa I interferonov in metabolizmom RNA.

V zaključku so bile predstavljene ključne ugotovitve projekta, predvsem pomen bioinformatike in umetne inteligence pri pretvorbi velikih količin biomedicinskih podatkov v uporabno znanje, ki lahko prispeva k boljši diagnostiki, personaliziranemu zdravljenju in razvoju precizne medicine. Predstavitev je poudarila tudi uspešen prenos znanja med akademskim okoljem in gospodarstvom ter pomen nadaljnje validacije identificiranih kandidatnih biooznačevalcev.

Predstavitev so izvedli sodelujoči študenti, ki so predstavili posamezne vsebinske sklope projektne naloge, potek dela, pridobljena znanja in rezultate analiz.

