Informačný list predmetu

Akademický rok 2026/2027

Vysoká škola	Univerzita sv. Cyrila a Metoda v Trnave
Fakulta	FPV UCM
Kód predmetu	KB/bd540/21
Názov predmetu	molekulárno-biologické databázy
Rozsah	1P + 1S
Počet kreditov	3
Vyučujúci	prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc. (prednášajúci)

Podmienky na absolvovanie predmetu

Úspešné absolvovanie 2 testov v priebehu semestra, z ktorých je potrebné získať minimálne 50% z bodového hodnotenia.
V rámci seminára praktická činnosť - na základe získaných vedomostí a poznatkov prezentovanie zadania - práca s databázami.

Záverečné hodnotenie

Celkové hodnotenie predmetu:
A 1,0 výborne – vynikajúce výsledky len s minimálnymi chybami <92-100 %>;
B 1,5 veľmi dobre – nadpriemerné výsledky s menšími chybami <83-91 %>;
C 2,0 dobre – vcelku dobré, priemerné výsledky <74-82 %>;
D 2,5 uspokojivo – dobré výsledky, ale vyskytujú sa významné chyby <65-73 %>;
E 3,0 dostatočne – výsledky vyhovujú minimálnym kritériám <56-64 %>;
FX* 4,0 nedostatočne – absolvovanie predmetu si vyžaduje vynaložiť ešte značné úsilie a množstvo práce zo strany študenta <0-55 %>.

Výsledky vzdelávania

Po úspešnom ukončení štúdia predmetu študent
- rozumie základným molekulárno-biologickým informačným databázam, v ktorých sú uchovávané informácie o primárnych štruktúrach génov a proteínov.
- Študenti si preskúšajú praktickú prácu s týmito databázami.
- Študenti sú schopní získavať sekvenčné údaje o proteínoch, spracovávať ich do formy zrovnania a fylogenetického stromu a získané výsledky vyhodnocovať v diskusii o aktívnych centrách proteínov, homológiách v štruktúre a ich evolúcii.

Stručná osnova predmetu

1. Molekulárno-biologické databázy a informačné portály na internete.
2. NCBI - National Center for Biotechnology Information (Bethesda, MD, USA) - centrum informačných databáz v USA s ohľadom na biotechnológiu
3. GenBank,
4. GenPept,
5. Genomes

6. EBI – European Bioinformatics Institute (Hinxton, Cambridge, UK) – centrum molekulárno-biologických databáz a serverov v Európe
7. European Nucleotide Archive – ENA,
8. UniProt – SwissProt a TrEMBL).
9. Získavanie sekvenčných dát z databáz.
10. 10.Práca so sekvenciami proteínov, zrovnávanie (balík programov Clustal–Omega a Simple Phylogeny), analýza zrovnania s ohľadom na konzervované oblasti, aktívne miesta a jednotlivé domény proteínov, ako aj metabolické dráhy.
11. Tvorba evolučných stromov a ich interpretácia a ich analýza s ohľadom na funkciu proteínov a taxonómiu organizmov.
12. HCA – Hydrophobic Cluster Analysis ako metóda na porovnávanie vzdialene príbuzných proteínov; všeobecný prehľad, princípy.
13. BLAST – Basic Local Alignment Search Tool ako internetový nástroj na vyhľadávanie príbuzných proteínov.

Odporúčaná literatúra

Janeček Š.: Bioinformatika proteínov. UCM v Trnave, 2020; ISBN 978-80-572-0085-7.
Aktuálne databázové číslo časopisu Nucleic Acids Research (Database Issue).
Vybrané články z vedeckej časopiseckej literatúry k danej téme.

Jazyk, ktorého znalosť je potrebná na absolvovanie predmetu

slovenský jazyk a anglický jazyk

Poznámky

Povinný predmet
1 hodina prednášky a 1 hodina cvičení týždenne.
Vzdelávanie sa uskutočňuje prezenčnou formou.