

Informačný list predmetu

Akademický rok 2024/2025

Vysoká škola	Univerzita sv. Cyrila a Metoda v Trnave
Fakulta	FPV UCM
Kód predmetu	KB/bd551/21
Názov predmetu	bioinformatika
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.

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: je oboznámený so sofistikovanejšími prístupmi k analýze primárnych štruktúr proteínov a na hľadanie súvislostí medzi vzdialene príbuznými proteínmi. Študenti sa naučia princípy a precvičia si praktickú prácu s rôznymi prístupmi a metódami na vyhľadávanie a analýzu sekvenčných podobností medzi proteínmi. Získajú tiež základné predstavy o možnostiach predikcie sekundárnej štruktúry proteínov.

Stručná osnova predmetu

1. HCA – Hydrophobic Cluster Analysis ako metóda na porovnávanie vzdialene príbuzných proteínov;
2. všeobecný prehľad, princípy HCA.
3. HCA na internetovom serveri.
4. Identifikáciu HCA korešpondencií na rôznych modelových proteínoch a enzýmoch (jednoduché modely, intermediárne proteíny, nezávislé domény).
5. BLAST – Basic Local Alignment Search Tool ako internetový nástroj na vyhľadávanie príbuzných proteínov;
6. sofistikované modely modulárnych proteínov.
7. Možnosti spracovania a vyhodnocovania výsledkov získaných s BLASTom.
8. Porovnanie klasických zrovnávacích metód (ClustalW), metódy HCA (Hydrophobic Cluster Analysis) a

nástroja BLAST pre identifikáciu podobností medzi proteínmi.

9. Predikcie sekundárnej štruktúry proteínov – úvod a prehľad a porovnanie metód.

10. Použitie metódy GOR (štatistický prístup)

11. Použitie metódy PHD-metódy (neurónové siete).

12. Porovnanie predikčných metód GOR a PHD na príkladoch proteínov s experimentálne stanovenou sekundárnou štruktúrou.

Jazyk, ktorého znalosť je potrebná na absolvovanie predmetu

slovenský jazyk

Poznámky

povinný predmet,

profilový predmet

1 hodina prednášok a 1 hodina cvičení

Vzdelávacia činnosť sa uskutočňuje prezenčnou metódou