

Informačný list predmetu

Akademický rok 2026/2027

Vysoká škola	Univerzita sv. Cyrila a Metoda v Trnave
Fakulta	FPV UCM
Kód predmetu	KB/md509/21
Názov predmetu	pokročilá bioinformatika
Rozsah	1P + 1S
Počet kreditov	3
Vyučujúci	prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc. (prednášajúci)

Obsahová prerekvizita

molekulárno-biologické databázy;
bioinformatika

Podmienky na absolvovanie predmetu

Úspešné absolvovanie 2 priebežných 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 v oblasti praktického využitia bioinformatiky.

Priebežné hodnotenie

Úspešné absolvovanie 2 priebežných 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

- získa prehľad o získavaní, spracovaní a analýze všetkých druhov biologických dát
- získa prehľad o vyhodnotení dát pomocou výpočtovej techniky a internetu za účelom získania informácií o vzťahu medzi genetickou informáciou a zložením, funkciou a evolúciou proteínov
- bude schopný samostatne pracovať v oblasti výskumu biologických vedných disciplín zameraná na využitie dostupných biologických informácií.

Stručná osnova predmetu

1. Gén, genóm, proteín, proteóm.
2. DNA, gény, evolúcia, horizontálny prenos génov.
3. Homológy, ortológy a paralógy.
4. Konzervované úseky v sekvenciách proteínov.
5. Metódy štúdia aminokyselinových sekvencií v korelácii k ich funkciám.
6. Charakteristiky dostupných softvérových systémov a databáz používaných v bioinformatike - GenBank, ENA, EMBL-Nucleotide Database,
7. Charakteristiky dostupných softvérových systémov a databáz používaných v bioinformatike - DDBJ, UniProt (SwissProt, TrEMBL),
8. Charakteristiky dostupných softvérových systémov a databáz používaných v bioinformatike - PDB, Pfam, Clustal, HCA,
9. Charakteristiky dostupných softvérových systémov a databáz používaných v bioinformatike - BLAST, GOR, PHd, SwissModel,
10. Charakteristiky dostupných softvérových systémov a databáz používaných v bioinformatike - PHYRE, MultiProt a iné,
11. Európsky bioinformatický ústav v Hinxtone (Cambridge, U.K.) ako pracovisko zastrešujúce výskum a služby v bioinformatike,
12. Praktické využitie bioinformatiky.

Odporúčaná literatúra

Janeček Š.: Bioinformatika proteínov. UCM v Trnave; 2020. ISBN 978-80-572-0085-7.
Janeček Š.: Proteínový dizajn. UCM v Trnave, 2014; ISBN 978-80-8105-594-2.
DOOLITTLE, R.F. (ed.) (1996) Methods in Enzymology, vol. 266. Academic Press, San Diego.
LESK, A.M. (2002) Introduction to Protein Bioinformatics. Oxford University Press, Oxford.
Vybrané články z vedeckej časopiseckej literatúry k danej téme.

Jazyk, ktorého znalosť je potrebná na absolvovanie predmetu

slovenský a anglický jazyk

Poznámky

Povinný predmet, predmet je profilový
1 hodina prednášok a 1 hodina cvičení týždenne
Výuka prebieha prezenčnou formou.