Informačný list predmetu

Akademický rok 2026/2027

Vysoká škola	Univerzita sv. Cyrila a Metoda v Trnave
Fakulta	FPV UCM
Kód predmetu	KB/md533/21
Názov predmetu	základy bioinformatiky
Rozsah	1P + 1S
Počet kreditov	2
Vyučujúci	prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc. (prednášajúci)

Podmienky na absolvovanie predmetu

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

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 sa naučia princípy a precvičia si praktickú prácu so získavaním sekvenčných údajov o proteínoch, spracovávať ich do formy zrovnania a fylogenetického stromu a získané výsledky vyhodnocovať v diskusii.
- Študent je tiež oboznámený so sofistikovanejšími prístupmi k analýze primárnych štruktúr proteínov a na hľadanie súvislostí medzi vzdialene príbuznými proteínmi (HCA metóda, BLAST).

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. Práca so sekvenciami proteínov, zrovnávanie, analýza zrovnania. Tvorba evolučných stromov a ich interpretácia.
11. HCA – Hydrophobic Cluster Analysis ako metóda na porovnávanie vzdialene príbuzných proteínov; všeobecný prehľad, princípy.
12. BLAST – Basic Local Alignment Search Tool ako internetový nástroj na vyhľadávanie príbuzných proteínov.

Odporúčaná literatúra

Aktuálne databázové číslo časopisu Nucleic Acids Research (Database Issue).
Doolittle, R.F. (ed.) (1996) Methods in Enzymology, vol. 266. Academic Press, San Diego, 1996.
Lesk, A.M. (2002) Introduction to Protein Bioinformatics. Oxford University Press, Oxford, 2002.
Vybrané články z vedeckej časopiseckej literatúry k danej téme.

Jazyk, ktorého znalosť je potrebná na absolvovanie predmetu

slovenský a anglický jazyk

Poznámky

Výberový predmet
1 hodina prednášky a 1 hodina cvičení týždenne
Výuka bude prebiehať prezenčnou formou