Informačný list predmetu

Akademický rok 2026/2027

Vysoká škola	Univerzita sv. Cyrila a Metoda v Trnave
Fakulta	FPV UCM
Kód predmetu	KB/dd506/21
Názov predmetu	funkčná analýza proteínov a modelovanie
Rozsah	2P + 2S
Počet kreditov	10
Vyučujúci	prof. Ing. Štefan Janeček, DrSc. (prednášajúci), RNDr. Zuzana Gerši, PhD. (prednášajúci)

Podmienky na absolvovanie predmetu

Študent si pripraví a vypracuje praktické úlohy podľa zadania garanta predmetu. Vyžaduje sa úspešné absolvovanie dvoch testov v priebehu semestra, z ktorých je potrebné získať minimálne 50% bodového hodnotenia. Definitívne hodnotenie je vykonané ústnou skúškou.

Záverečné hodnotenie

Študent si pripraví a vypracuje praktické úlohy podľa zadania garanta predmetu. Vyžaduje sa úspešné absolvovanie dvoch testov v priebehu semestra, z ktorých je potrebné získať minimálne 50% bodového hodnotenia. Definitívne hodnotenie je vykonané ústnou skúškou.

Výsledky vzdelávania

Absolvovaním predmetu študent:
dôkladne porozumie zákonitostiam výstavby proteínových molekúl.
K tomu je potrebné zvládnuť detailné poznatky zo štruktúry reálnych (t.j. biochemicky charakterizovaných) proteínov a vedieť ich aplikovať pre hypotetické proteíny získané zo sekvenčných a štruktúrnych databáz (GenBank, UniProt a PDB), napr. pri predikcii ich štruktúry a funkcie (prípadne špecificity pri enzýmoch), ako aj pri ich štruktúrnom porovnávaní.

Stručná osnova predmetu

1. Sekvenčné databázy – nukleotidové (GenBank, ENA, DDBJ) a aminokyselinové (UniProt).
2. Štruktúra proteínov – primárna, sekundárna, terciárna a kvartérna štruktúra.
3. Motívy a domény proteínov, supersekundárna štruktúra a modulárne proteíny.
4. Divergentná a konvergentná evolúcia proteínov.
5. Databáza terciárnych štruktúr proteínov (Protein Data Bank; PDB).
6. Porovnávanie sekvencií proteínov a výpočty evolučných stromov (programy CLUSTAL).
7. Porovnávanie sekvencií proteínov (metóda Hydrophobic Cluster Analysis; HCA).
8. Internetový nástroj BLAST (nukleotidový a proteínový BLAST; špecializované BLAST – prístupy a algoritmy).

9. Prehľadávanie sekvenovaných genómov, in silico analýzy hypotetických proteínov s ohľadom na funkčne charakterizované homológy a mutantné proteíny.
10. Predikcie sekundárnej štruktúry proteínov – stereochemický a štatistický prístup, trénovanie neurónových sietí (PHd metóda).
11. Modelovanie terciárnej štruktúry proteínov – homologické proteíny a templáty (SwissModel, Phyre server).
12. 12. Predikcie terciárnej štruktúry proteínov – AlphaFold a AlphaFold Protein Structure Database.
13. Porovnávanie terciárnych štruktúr proteínov (štruktúrne preklady, hodnota rmsd; server MultiProt).

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.
Vybrané najnovšie články z vedeckej časopiseckej literatúry k danej téme.

Jazyk, ktorého znalosť je potrebná na absolvovanie predmetu

1. slovenský jazyk
2. anglický jazyk

Poznámky

Povinne voliteľný predmet, predmet je profilový
2 hodiny prednášok / 2 hodiny seminárov týždenne.
Vzdelávacia činnosť sa uskutočňuje prezenčnou metódou.