Informačný list predmetu

Akademický rok 2024/2025

Vysoká škola	Univerzita sv. Cyrila a Metoda v Trnave
Fakulta	FPV UCM
Kód predmetu	KB/md253/21
Názov predmetu	bioinformatika
Rozsah	2P + 1S
Počet kreditov	4
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. Písomná a ústna skúška.
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 %>.

Priebežné hodnotenie

Úspešné absolvovanie 2 testov v priebehu semestra, z ktorých je potrebné získať minimálne >50% z bodového hodnotenia. Písomná a ústna skúška.

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.
- Študent si preskúša praktickú prácu s týmito databázami.
- Je schopný 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 (GenBank, GenPept, Genomes).
3. EBI – European Bioinformatics Institute (Hinxton, Cambridge, UK) – centrum molekulárno-biologických databáz a serverov v Európe (ENA/EMBL-Nucleotide Database, UniProt).
4. Získavanie sekvenčných dát z databáz.
5. Práca so sekvenciami proteínov, zrovnávanie (program Clustal-Omega).
6. Práca so sekvenciami proteínov, zrovnávanie (program Clustal-Omega).
7. Práca so sekvenciami proteínov, zrovnávanie (program Clustal-Omega).
8. Analýza zrovnania s ohľadom na konzervované oblasti, aktívne miesta a jednotlivé domény proteínov, ako aj metabolické dráhy.
9. Tvorba evolučných stromov (program Simple-Phylogeny),
10. Zobrazovanie evolučných stromov a analýza s ohľadom na funkciu proteínov a taxonómiu organizmov.
11. Interpretácia základnej in silico analýzy proteínov.
12. Diskusia a interpretácia základnej in silico analýzy 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, anglický jazyk