

Informačný list predmetu

Akademický rok 2026/2027

Vysoká škola	Univerzita sv. Cyrila a Metoda v Trnave
Fakulta	FPV UCM
Kód predmetu	KB/bd350/25
Názov predmetu	molekulárno-biologické databázy
Rozsah	1P + 1S
Počet kreditov	2
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.

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 % >.

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
- študenti si preskúšajú 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 (European Nucleotide Archive – ENA, UniProt – SwissProt a TrEMBL).

4. Získavanie sekvenčných dát z databáz.

5. Získavanie sekvenčných dát z databáz.

6. Práca so sekvenciami proteínov, zrovnávanie (balík programov Clustal – Omega a Simple Phylogeny), analýza zrovnania s ohľadom na konzervované oblasti, aktívne miesta a jednotlivé domény proteínov, ako aj metabolické dráhy I

7. Práca so sekvenciami proteínov, zrovnávanie (balík programov Clustal – Omega a Simple Phylogeny), analýza zrovnania s ohľadom na konzervované oblasti, aktívne miesta a jednotlivé domény proteínov, ako aj metabolické dráhy II

8. Práca so sekvenciami proteínov, zrovnávanie (balík programov Clustal – Omega a Simple Phylogeny), analýza zrovnania s ohľadom na konzervované oblasti, aktívne miesta a jednotlivé domény proteínov, ako aj metabolické dráhy III

9. Tvorba evolučných stromov a ich analýza s ohľadom na funkciu proteínov a taxonómiu organizmov I

10. Tvorba evolučných stromov a ich analýza s ohľadom na funkciu proteínov a taxonómiu organizmov II

11. Tvorba evolučných stromov a ich analýza s ohľadom na funkciu proteínov a taxonómiu organizmov III

12. Praktický príklad.

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

1. slovenský jazyk

2. anglický jazyk

Poznámky

Povinný predmet.

1 hodina prednášky a 1 hodina semináru týždenne.

Vzdelávacia činnosť sa uskutočňuje prezenčnou metódou.