

SYLABUS PREDMETU **BIOINFORMATIKA** PRE 3. ROČNÍK
BIOLOGICKÝCH ODBOROV 2009/2010

1. Úvod do Bioinformatiky

definícia – história – náplň – internet – vzťah k ostatným vedným odborom

2. Biologické databázy

biologické dáta – iné dáta využívané v biológii – rozdelenie biologických databáz – princíp práce s databázami

3. Primárne databázy

typy primárnych sekvencií – EMBL/GenBank/DDBJ – UNI-PROTT – vkladanie dát – využitie

4. Sekundárne databázy

proteínové motívy – PROSITE – PRINTS – Pfam – BLOCKS – INTERPRO

5. Ďalšie biologické databázy a integrované databázové systémy

genómy – PDB – KEGG – OMIM – REBASE – bibliografické dáta – CurrentContents – MEDLINE – integrované databázové systémy – SRS – Entrez

6. Analýza biologických dát

zhromažďovanie a analýza biologických dát – sekvenačné projekty – štatistická analýza – používaná výpočtová technika – Staden Package – EMBOSS

7. Identifikácia kódujúcich úsekov nukleových kyselín

signály – motívy – kódujúce úseky – prokaryoty vs. eukaryoty

8. Zoradenia dvoch sekvencií

pairwise alignment – *dot plot* – substitučné matice – lokálne a globálne zoradenia – BLAST – FASTA – Needleman-Wunsch – Smith-Waterman

9. Zoradenia viacerých sekvencií

multiple sequence alignment – dynamické programovanie – progresívne metódy – konsenzus sekvencia – ClustalW

10. Identifikácia proteínových motívov

proteínové motívy sekundárnych databáz – neurónové siete – ScanProsite – Pscan – HmmPfam

11. Molekulárna fylogenetická analýza

bioinformatika a evolúcia – fylogenetické stromy – *distance* metódy – *maximum likelihood* metódy – *parsimony* metódy – PHYLIP

12. Sekundárna a terciárna štruktúra biomakromolekúl

primárna, sekundárna a terciárna štruktúra – vzťah štruktúry a funkcie – 3D vizualizácia – RasMol – MOLMOL