

Okruhy ke státním závěrečným zkouškám v bakalářských studijních programech FCHT

Studijní program **Bioinformatika a chemická informatika (B107)**

Zkouška se skládá ze 3 povinných okruhů

1. **Biochemie a molekulární genetika**
(vychází z předmětů: Biochemie I, Molekulová genetika a analýza DNA)
2. **Ukládání a analýza dat**
(vychází z předmětů: Databázové systémy)
3. **Bioinformatika**
(vychází z předmětů: Základy bioinformatiky)

Biochemie a molekulární genetika

1. Aminokyseliny, peptidy, proteiny - chemie, prostorové uspořádání a funkce
2. Enzymy - funkce a kinetika, inhibice
3. Nukleové kyseliny - chemie, prostorové uspořádání a funkce
4. Membrány, lipidy (jejich funkce a metabolismus), přenos hmoty a signálu přes membránu
5. Sacharidy - struktura, metabolismus a funkce
6. Vznik a využití ATP, membránová a substrátová fosforylace, dýchací řetězec, fotosynthesa
7. Replikace DNA, DNA-polymerasa, mutace a opravné mechanismy
8. Transkripce, RNA-polymerasa, regulace transkripce, sestřih
9. Translace, posttranslační modifikace, ribosom
10. Metody sekvenování DNA, polymerasová řetězová reakce
11. Prokaryotická a eukaryotická buňka, rozdíly ve stavbě a organizaci genomu

Ukládání a analýza dat

1. Tři úrovně pohledu na data - konceptuální, implementační, fyzická
2. E-R nebo jiný konceptuální model - jeho prvky a vyjádření integritních omezení
3. Relační databázový model - jeho prvky, vyjádření integritních omezení, relační algebra
4. Jazyk SQL - části DDL, DCL, TCL , vyjádření integritních omezení
5. Jazyk SQL - část DML a SELECT.
6. Transakce - ACID vlastnosti
7. Normalizace relačního schématu. Principy, normální formy a postupy

Bioinformatika

1. Párové zarovnávání sekvencí - skórování, substituční matice PAM a BLOSUM, bodový graf
2. Vícenásobné zarovnávání sekvencí - algoritmus ClustalW, UPGMA
3. Prohledávání sekvenčních databází - algoritmus BLAST a jeho parametry, E-value
4. Fylogenetická analýza - fylogenetické stromy a formát Newick, molecular markers, evoluční modely, metody pro tvorbu stromů
5. Predikce struktur proteinů - strukturní interpretace zarovnání sekvencí, homologní modelování, experimentální metody strukturní biologie
6. Molekulární simulace - silové pole, periodická okrajová podmínka, problém vzorkování
7. Aplikace bioinformatiky - cíle léčiv, protein-ligand docking, virtuální screening