

pondělí 13.4.- poslední opakovací lekce

Možné termíny zkoušky:

(ještě v semestru, pak „kdykoliv“ po 19.6.)

- 1) PÁTEK 17.4. 11:30 – 5 DNŮ PO OPAKOVÁNÍ
- 2) ČTVRTEK 23.4. 7:30
- 3) PONDĚLÍ 4.5. 9:30

Nutné mít VŠECHNY domácí úkoly

Základy praktické Bioinformatiky

PETRA MATOUŠKOVÁ

2025/2026

10/10

Základy praktické bioinformatiky

Téma 10/10

Opakování

Cíle:

Student bude dobře připraven na zkoušku 😊

Zkoušková písemka:

2 úlohy, každá 5 bodů

Hodnocení: max celkem 10 bodů

9-10b: 1

7-8b: 2

5-6b: 3

A) Pracujte se sekvencí získanou po sekvenaci přiloženou v Moodle.

1. Sekvenci otevřete.
2. Zjistěte, zda je tato sekvence kontaminovaná vektorem.
3. Sekvenci od případné kontaminace očistěte a přepište do FASTA formátu.
4. Jak dlouhý je nejdelší čtecí rámec v očištěné sekvenci?
5. Co by vzniklý přepsaný protein mohl kódovat?

B) Najděte lidskou proteinovou sekvenci s názvem TRY1

1. Jaký je přístupový kód a funkce tohoto proteinu?
2. Kde je tento protein v buňce lokalizován a v jakých tkáních je příslušný gen nejvíce exprimován?

Pro kvantitativní stanovení příslušného genu byly navrženy tyto primery:

F: CCCCAATACGACAGGAAGACT
R: TTACTGCACGTGAGGAGAG

-zhodnoťte, zda jsou z hlediska “kvantitativního PCR” v pořádku:

Zkontrolujte:

3. délku vznikajícího produktu a pozice (porovnáním s příslušnou sekvencí)
4. (ne)přítomnost sekundárních struktur
5. Specifitu zadaných primerů

Zkouškové otázky 2025

A) Pracujte se sekvencí získanou po sekvenaci přiloženou v Moodle.

1. Sekvenci otevřete.
2. Zjistěte, zda je tato sekvence kontaminovaná vektorem.
3. Sekvenci od případné kontaminace očistěte a přepište do FASTA formátu.
4. Jak dlouhý je nejdelší čtecí rámec v očištěné sekvenci?
5. Co by vzniklý přepsaný protein mohl kódovat?

Zkoušková písemka:

2 úlohy, každá 5 bodů

Hodnocení: max celkem 10 bodů

9-10b: 1

7-8b: 2

5-6b: 3

A) Pracujte se sekvencí získanou po sekvenaci přiloženou v Moodle.

1. Sekvenci otevřete.
2. Zjistěte, zda je tato sekvence kontaminovaná vektorem.
3. Sekvenci od případné kontaminace očistěte a přepište do FASTA formátu.
4. Jak dlouhý je nejdelší čtecí rámec v očištěné sekvenci?
5. Co by vzniklý přepsaný protein mohl kódovat?

B) Najděte lidskou proteinovou sekvenci s názvem TRY1

1. Jaký je přístupový kód a funkce tohoto proteinu?
2. Kde je tento protein v buňce lokalizován a v jakých tkáních je příslušný gen nejvíce exprimován?

Pro kvantitativní stanovení příslušného genu byly navrženy tyto primery:

F: CCCC AATACGACAGGAAGACT
R: TTACTGCACGTGAGGAGAG

-zhodnoťte, zda jsou z hlediska “kvantitativního PCR” v pořádku:

Zkontrolujte:

3. délku vznikajícího produktu a pozice (porovnáním s příslušnou sekvencí)
4. (ne)přítomnost sekundárních struktur
5. Specifitu zadaných primerů

B) Najděte lidskou proteinovou sekvenci s názvem TRY1

1. Jaký je přístupový kód a funkce tohoto proteinu?
2. Kde je tento protein v buňce lokalizován a v jakých tkáních je příslušný gen nejvíce exprimován?

Pro kvantitativní stanovení příslušného genu byly navrženy tyto primery:

F: CCCCAATACGACAGGAAGACT

R: TTACTGCACGTGAGGAGAG

-zhodnoťte, zda jsou z hlediska “kvantitativního PCR” v pořádku:

Zkontrolujte:

3. délku vznikajícího produktu a pozice (porovnáním s příslušnou sekvencí)
4. (ne)přítomnost sekundárních struktur
5. Specifitu zadaných primerů