

C3211 Aplikovaná bioinformatika

Jaro 2022

Základní vlastnosti proteinů: teoretický úvod (proteinogenní aminokyseliny, nestandardní proteinogenní aminokyseliny, izoelektrický bod proteinů, extinkční koeficienty proteinů, stabilita proteinů, uchovávání a skladování proteinů, lokalizace proteinů v buňce), predikce základních fyzikálně-chemických vlastností proteinů, iniciační methionin a jeho odštěpování, predikce lokalizace proteinu, signální sekvence.

Sekundární struktura a funkce proteinů: teoretický úvod (využití sekundární struktury proteinů pro ověření správného sbalování proteinů, CD spektroskopie, predikce funkce proteinů, databáze strukturních a funkčních motivů), predikce sekundární struktury proteinů, predikce CD spektra proteinů, predikce funkce proteinů pomocí sekvenčního přiložení, identifikace a porovnání aktivního místa proteinů, význam aminokyselinových záměn v aktivním místě, identifikace strukturních a funkčních motivů v sekvencích.

Terciární struktura a oligomerizace proteinů: teoretický úvod (3D struktura proteinů, strukturní databáze, určování struktury proteinů, rozdíly mezi krystalografií a NMR, teorie predikce 3D struktury, význam oligomerizace proteinů, metody určování oligomerizace proteinů), vizualizace 3D struktury proteinu, typy zobrazení, porovnání homologních proteinů, analýza aktivního místa proteinu, ukázka predikčních programů, validace struktury, predikce oligomerního stavu proteinů, analýza repetit.

Příprava rekombinantních proteinů: teoretický úvod (vektory, hostitelské organismy, ligace, transformace, exprese, problémy při expresi, význam disulfidických můstků, posttranslačních modifikací, vzácných kodonů, produkce toxických proteinů), predikce posttranslačních modifikací, predikce disulfidových můstků, predikce glykosylace, obsah vzácných kodonů v genu, návrh syntetického genu.

Podmínky ukončení: Účast na cvičení/vypracované úkoly ze cvičení
Kolokvium (krátké úkoly + diskuse o jejich řešení)