

EXPORT ÚDAJŮ O STUDIJNÍM PROGRAMU

Bioinformatika Fakulta informatiky

Sestava byla vytvořena: 26. 4. 2024 10:15, pro akreditační období

Obsah

1 Základní údaje o studijním programu	2
1.1 Charakteristika programu	2
1.2 Studijní plány	3
1.2.1 Bioinformatika (prezenční, jednooborový)	3
2 Charakteristiky předmětů	7
2.1 Základní teoretické předměty profilujícího základu (Z)	7
2.2 Předměty profilujícího základu (P)	13
2.3 Ostatní povinné a povinně-volitelné předměty	19
3 Personální zabezpečení	42
3.1 Garanti profilujících předmětů	42
3.2 Vyučující a cvičící	45
3.3 Struktura pedagogických pracovníků dle věku	52
3.4 Počet zahraničních pedagogických pracovníků	52
3.5 Publikační činnost	52

Sestavu vytvořila: Mgr. Veronika Gazárková, učo 448880

1 Základní údaje o studijním programu

Bioinformatika

<i>Garant</i>	doc. RNDr. David Šafránek, Ph.D.	<i>Standardní doba studia</i>	3 r.
<i>Fakulta</i>	Fakulta informatiky	<i>Zkratka</i>	B-BIO
<i>Forma</i>	prezenční	<i>Titul</i>	Bc.
<i>Ve spolupráci s</i>	Přírodovědecká fakulta	<i>Kód</i>	TEMP_CODE
<i>Typ</i>	bakalářský	<i>Vyučovací jazyk</i>	čeština
<i>Profil</i>	akademický	<i>Rigorózní řízení</i>	ne
<i>Oblasti vzdělávání</i>	Biologie, ekologie a životní prostředí (10 %) Chemie (30 %) Informatika (60 %)	<i>Stav</i>	v přípravě

1.1 Charakteristika programu

Cíle

Program je určen pro studenty, kteří chtějí získat základní aplikované znalosti v mezioborové oblasti bioinformatiky, tj. seznámit se s podstatou a povahou biologických a biochemických informací a naučit se efektivně vytvářet a používat vhodné informační technologie pro řešení problémů souvisejících se zpracováním a analýzou biologických hypotéz a souvisejících experimentálních dat. Vyjma základní orientace v mezioborové problematice získají posluchači znalosti a praktické dovednosti, které mohou použít bezprostředně po nástupu do praxe. V rámci povinně volitelných předmětů nabízí studijní program možnost zaměření studia na vybrané specializované oblasti bioinformatiky a výpočetní systémove biologie, jako jsou například modely komplexních biologických procesů, zpracování a analýza biologických sekvencí nebo počítačové modelování molekulárních struktur.

Výstupy z učení

Absolvent je po úspěšném ukončení studia schopen:

1. vysvětlit pojmy, metody a paradigmaty bioinformatiky včetně relevantních matematických prostředků
2. orientovat se v základních typech sekvencí biomakromolekul a struktur organických molekul i biomakromolekul
3. navrhovat algoritmická řešení problémů a ve zvoleném jazyce zapsat efektivní program pro řešení daného problému
4. rozumět základním principům IT a umět s nimi pracovat
5. umět využít specifické bioinformatické nástroje a platformy a vytvářet komplexní bioinformatická workflow
6. aplikovat různé metody ke zpracování, vizualizaci a analýze komplexních bioinformatických dat
7. orientovat se v základních principech modelování biochemických struktur a biologických systémů
8. umět efektivně využít a adaptovat algoritmy pro analýzu biologických sekvencí

Uplatnění absolventa

Absolventi mohou po ukončení studijního programu nastoupit do praxe jako absolventi bakalářského programu s možností zvyšování kvalifikace a prohloubení konkrétních profesních znalostí realizované podle potřeb zaměstnavatele. Očekávanou možností je pokračování v navazujícím magisterském programu Bioinformatika, který je organizován Přírodovědeckou fakultou ve spolupráci s Fakultou informatiky a tím získat hlubší znalosti a dovednosti v některé z mezioborových specializací programu. Další možností je pokračování ve studiu v některém z vhodných magisterských programů jiného zaměření vyučovaných na Přírodovědecké fakultě nebo Fakultě informatiky.

Pravidla a podmínky pro vytváření studijních plánů

Bakalářské a magisterské studium probíhá podle celouniverzitního kreditního systému, který je v souladu s pravidly European Credit Transfer System (ECTS). Povinně volitelné předměty jsou ve studijním plánu organizovány do jedné či více skupin; student volí povinně volitelné předměty na základě stanoveného minimálního počtu kreditů v každé skupině. Na Masarykově univerzitě došlo k celouniverzitnímu konsensu na pravidlech pro tvorbu studijních programů, které zpřesňují pravidla vymezená v metodice Národního akreditačního úřadu Doporučené postupy pro přípravu studijních programů. Pravidla pro tvorbu studijních programů byla schválena ve stejnojmenné směrnici MU (Směrnice MU č. 11/2017: Pravidla pro tvorbu studijních programů) a vymezují šest typů studijních plánů a jejich použití a kombinace v jednotlivých typech studijních programů. Jedná se o

1. jednooborový studijní plán,
2. studijní plán se specializací,
3. hlavní studijní plán (maior),
4. vedlejší studijní plán (minor),
5. studium podle dvou hlavních studijních plánů,
6. plán na dostudování (určen pouze studentům z obdobného studijního oboru, kterému zaniká akreditace).

Premisou pravidel je, že studijní plány umožňují naplnění cílů studia a dosažení profilu absolventa studijního programu. Výjimkou je pouze vedlejší studijní plán, který slouží jako komplementární doplněk hlavního studijního plánu jiného studijního programu. Student nemůže studovat pouze podle vedlejšího studijního plánu.

Praxe

Praxe není povinnou součástí bakalářského programu.

Cíle kvalifikačních prací

U bakalářské práce se očekává, že student především prokáže schopnost zpracovat větší projekt (například vytvořit užitečný program pro řešení konkrétního bioinformatického problému) a že dokáže své dílo zasadit do relevantního kontextu aktuálního poznání a prezentovat je formou odborného textu. Práce může být v českém, slovenském nebo anglickém jazyce. Předepsaná struktura práce zahrnuje sekce Kopie prohlášení autora školního díla, Prohlášení o autorství, Obsah, Vlastní text práce, a referencovanou literaturu. Minimální očekávaný rozsah práce je 30 normostran vlastního textu (včetně ilustrací).

Návaznost na další studijní programy

Absolvent může pokračovat studiem navazujícího mezioborového magisterského programu Bioinformatika organizovaného Přírodovědeckou fakultou ve spolupráci s Fakultou informatiky. Absolvent může rovněž pokračovat (po splnění podmínek přijetí) ve studiu dalšího vhodného navazujícího magisterského programu vyučovaného na Fakultě informatiky nebo Přírodovědecké fakultě.

1.2 Studijní plány

1.2.1 Bioinformatika (prezenční, jednooborový)

Kód	BIO00101
Zkratka	BIN
Forma	bakalářský prezenční jednooborový
Stav	v přípravě

Součásti SZZ a jejich obsah

Státní závěrečná zkouška (SZZ) sestává ze dvou odděleně klasifikovaných součástí:

obhajoby bakalářské práce a odborné závěrečné zkoušky. Celá státní zkouška trvá zhruba půl hodiny (přibližně 15 minut obhajoba, 15 minut zkoušení). Na prezentaci bakalářské práce má student zhruba 8 minut. poté probíhá rozbor posudků a diskuze. V následující ústní závěrečné zkoušce student odpovídá na dvě položené otázky kladené zkoušejícími členy komise SZZ. Přičemž platí, že jedna otázka je kladena ze společného základu oblasti informatiky (programování a počítačové technologie) a jedna otázka z profilujících bioinformatických předmětů programu (technologické základy bioinformatiky).

Pro úspěšné složení závěrečné zkoušky musí student být schopen vysvětlit základní pojmy s nimiž se seznámil v profilujících předmětech studijního programu, musí demonstrovat schopnost použití základních technik, metod a pojmů vysvětlených v profilujících předmětech programu a musí být schopen reagovat na relevantní doplňující otázky, případně, vybrané téma rozvinout mírně do hloubky. Pokud student není schopen dostát některému z těchto požadavků, je hodnocen stupněm nevyhovující.

Podmínkou přístupu k závěrečné zkoušce je odevzdání bakalářské práce. V případě negativních posudků na bakalářskou práci se student může vzdát obhajoby, akceptovat hodnocení „ nevyhověl“ a přejít rovnou ke zkoušení. V případě neúspěšné obhajoby není možné odstoupit od zkoušení.

Návrh témat kvalifikačních prací a témata obhájených prací

Příklady témat závěrečných prací (práce obhájené v minulosti v souvisejících programech, které tento program nahrazuje):

- 1) Unique Molecular Identifiers Handling Tools Benchmarking, <https://is.muni.cz/th/ai1bs/>
- 2) Optimalizace programu TE-nester pro vyhledávání fragmentovaných transpozonů, <https://is.muni.cz/th/zkmv6/>
- 3) Empirické metody pro výpočet parciálních atomových nábojů, <https://is.muni.cz/th/ts2kg/>
- 4) Formal representation of graphical models of biological systems, <https://is.muni.cz/th/nm01y/>
- 5) Vizualizace proteinových rodnin pomocí 2D diagramů, <https://is.muni.cz/th/shs14/>

Doporučený průchod studijním plánem

Absolvovat všechny povinné a vybrané povinné volitelné předměty nejvyšší formou ukončení.

Společný univerzitní základ (15 kr.)

K úspěšnému zakončení studia student v bakalářských studijních programech získá 15 kr. z předmětů tzv. Společného univerzitního základu. Mezi tyto kredity se počítají 2 kredity z předmětů sportovních aktivit (TV), 4 kredity za cizí jazyk, a 9 kreditů za předměty společensko-vědního či přírodovědného základu — tzv. CORE předmětů.

Společensko-vědní a přírodovědný základ

Získat alespoň 9 kreditů z libovolných předmětů CORE.

Jazyky

Povinně absolvovat VB001. Povinně volba VB035 a VB036, nebo VV064.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah ⁺	Kreditů	Sem.	Profilace ^{**}
VB001	English Exam	E. Rudolfová	zk	0/0/0	1	2	-
VB035	English I	E. Rudolfová	z	0/2/0	1	1	-
VB036	English II	E. Rudolfová	z	0/2/0	2	2	-
VV064	Academic and Professional Skills in English for IT	E. Rudolfová	zk	0/2/0	2+2	-	-
					8 kreditů		

TV

Získat minimálně 2 kredity za tělesnou výchovu.

Bakalářská práce (min. 10 kr)

Povinnost získat 10 kreditů z předmětu SBAPR.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah ⁺	Kreditů	Sem.	Profilace ^{**}
SBAPR	Bakalářská práce	D. Svoboda	z	0/0/0	10	-	-
					10 kreditů		

Povinné předměty (P+PV více než 135kr.)

Absolvovat všechny povinné a vybrané povinné volitelné předměty nejvyšší formou ukončení.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah ⁺	Kreditů	Sem.	Profilace ^{**}
Bi4020	Molekulární biologie	J. Šmarda	zk	3/0/0	3+2	4	P
C2131	Úvod do bioinformatiky	M. Wimmerová	zk	2/0/0	2+2	2	Z
C2132	Úvod do bioinformatiky - seminář	M. Wimmerová	z	0/1/0	1	2	-
C2133	Úvod do chemoinformatiky	R. Svobodová	zk	2/0/0	2+2	3	P
C2144	Python pro bioinformatiky	T. Raček	zk	1/2/1	6	2	-
C3180	Biochemie I - seminář	Z. Farka	z	0/2/0	2	1	-
C3181	Biochemie I	P. Skládal	zk	2/0/0	2+2	1	Z
C3210	Strukturní bioinformatika	M. Wimmerová	zk	1/0/0	1+2	5	P
IB000	Matematické základy informatiky	P. Hliněný	z	2/2/1	4	1	-
IB113	Úvod do programování a algoritmizace	R. Pelánek	zk	2/2/1	4+2	1	Z
IV107	Bioinformatika sekvencí a genomů	M. Lexa	zk	2/1/0	2+2	3	Z
IV109	Modelování a simulace	R. Pelánek	zk	2/1/0	3+2	4	-
IV114	Projekt z bioinformatiky a systémové biologie	M. Lexa	k	0/1/1	2+1	4	-

pokračování na další straně

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah*	Kreditů	Sem.	Profilace**
MB141	Lineární algebra a diskrétní matematika	P. Hasil	zk	2/2/0	3+2	2	Z
MB142	Aplikovaná matematická analýza	P. Hasil	zk	2/2/0	3+2	3	Z
MB143	Návrh a analýza statistických experimentů	D. Kraus	zk	2/2/0	3+2	4	Z
PA052	Úvod do systémové biologie	L. Brim	zk	2/0	2+2	1	P
PA055	Vizualizace bioinformatických dat	M. Lexa	zk	1/1	2+2	3	P
PB001	Úvod do informačních technologií	L. Matyska	zk	2/0/0	2+2	1	Z
PB007	Software Engineering I	B. Bůhnová	zk	2/2/0	3+2	5	P
PB050	Modelování a predikce v systémové biologii	D. Šafránek	zk	1/1	2+2	5	P
PB051	Výpočetní metody v bioinformatice a systémové biologii	M. Lexa	zk	1/1	2+2	2	P
PB153	Operační systémy a jejich rozhraní	J. Ráček	zk	2/0/0	2+2	4	-
PB168	Základy databázových a informačních systémů	V. Dohnal	zk	2/2/0	3+2	3	P
PB176	Základy kvality a správy kódu	L. Ručka	k	2/0/1	3+1	6	-
PV225	Laboratoř systémové biologie	D. Šafránek	k	1/2/0	3+1	3	-
SBPrip	Opakování před SBZZ	J. Barnat	z	0/0/1	1	6	-
SOBHA	Obhajoba závěrečné práce	D. Svoboda	SZk	0/0/0	-	6	-
SZB	Státní zkouška (bakalářský studijní program)	D. Svoboda	SZk	0/0/0	-	6	-
					109 kreditů		

Povinně-volitelné předměty

Povinně splnit podmínky bloků níže a alespoň jednoho bloku zaměření.

Návrh algoritmů

Absolvovat jeden z předmětů bloku. Předmět C2142 je doporučen přírodovědně zaměřeným studentům bez předchozích vlastních zkušeností s programováním.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah*	Kreditů	Sem.	Profilace**
C2142	Návrh algoritmů pro přírodovědce	R. Svobodová	zk	1/2/0	3+2	2	-
IB114	Úvod do programování a algoritmizace II	I. Černá	zk	2/1/0	3+2	2	-
					10 kreditů		

Práce s operačním systémem UNIX

Absolvovat jeden z předmětů. Předmět C2110 je doporučen studentům, kteří se s unixovým systémem dosud nesetkali.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah*	Kreditů	Sem.	Profilace**
C2110	Operační systém UNIX a základy programování	P. Kulhánek	k	0/2/0	2+1	2	-
PV004	UNIX	M. Brandejs	k	2/0/0	2+1	2	-
					6 kreditů		

Akademické psaní

Absolvovat alespoň 1 předmět z bloku.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah ⁺	Kreditů	Sem.	Profilace ^{**}
PB029	Elektronická příprava dokumentů	P. Sojka	zk	2/1/0	3+2	-	-
VB000	Základy odborného stylu	A. Horák	k	1/1/0	2+1	3	-
VB000Eng	Introduction to Academic Writing	E. Rudolfová	k	1/1/0	2+1	-	-
					11 kreditů		

Právní a etické aspekty

Absolvovat alespoň 1 z předmětů.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah ⁺	Kreditů	Sem.	Profilace ^{**}
PV119	Základy práva pro informatiky	D. Šmídová	zk	2/0/0	2+2	-	-
VV076	Etika a informační technologie	T. Foltýnek	k	2/0/0	2+1	-	-
					7 kreditů		

Zaměření Aplikovaná bioinformatika

Absolvovat všechny předměty vybraného zaměření.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah ⁺	Kreditů	Sem.	Profilace ^{**}
C9530	Strukturní biochemie	L. Žídek	zk	2/0/0	2+2	5	-
C9531	Strukturní biochemie - seminář	L. Žídek	z	0/2/0	2	5	-
C2135	Bioinformatika v praxi	M. Wimmerová	k	0/2/0	2+1	6	-
C2150	Zpracování informací a vizualizace v chemii a biochemii	P. Kulhánek	k	0/2/0	2+1	6	-
C2145	Strukturní bioinformatika v praxi	R. Svobodová	k	0/1/1	3	5	-
C7170	Struktura a funkce buňky	O. Šerý	zk	2/0/0	4	3	-
C9088	RNAseq analýza	R. Svobodová	zk	1/1/0	2+2	6	-
					23 kreditů		

Zaměření Vývoj bioinformatického software

Absolvovat všechny uvedené předměty vybraného zaměření a předměty bloku volby dle instrukcí níže.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah ⁺	Kreditů	Sem.	Profilace ^{**}
PB112	Základy objektově orientovaného programování v jazyce Java	R. Ošlejšek	zk	2/2/0	3+2	4	-
PB138	Základy webového vývoje a značkovacích jazyků	T. Pitner	zk	2/2/0	3+2	6	-
					10 kreditů		

volba ve výpočetních metodách

Absolvovat alespoň 2 z předmětů níže nejvyšším způsobem ukončení.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah*	Kreditů	Sem.	Profilace**
IB031	Úvod do strojového učení	T. Brázdil	zk	2/2/0	3+2	6	-
PB016	Úvod do umělé inteligence	A. Horák	zk	2/2/0	3+2	5	-
MA018	Numerical Methods	J. Zelinka	zk	2/2/0	3+2	5	-

15 kreditů

volba v počítačových technologiích

Získat alespoň 3 kredity.

Kód	Název	Garant	Uk.	Rozsah*	Kreditů	Sem.	Profilace**
PV003	Architektura relačních databázových systémů	M. Batko	zk	2/1/0	3+2	4	-
PV005	Služby počítačových sítí	M. Brandejs	z	2/0/0	2	5	-
PA039	Supercomputer Architecture and Intensive Computations	L. Matyska	zk	2/0	2+2	6	-

11 kreditů

Volitelné předměty

Absolvovat další předměty dle vlastní volby tak, aby celkový zisk kreditů byl minimálně 180.

*Rozsah informuje o týdenní hodinové dotaci v závislosti na formě výuky. Ve formátu (přednáška/cvičení/praktické a jiné aktivity).

**Profilace značí, zda je předmět „Profilujícího základu (P)“ nebo „Základní teoretický profilujícího základu (Z)“.

2 Charakteristiky předmětů

Tato kapitola obsahuje charakteristiky povinných a povinně-volitelných předmětů ze šablon studijních plánů.

2.1 Základní teoretické předměty profilujícího základu (Z)

Jedná se o podmnožinu předmětů profilujícího základu (P) (viz 2.2), které jsou pro dosažení profilu absolventa natolik významné, že tvoří zpravidla základní jádro všech studijních plánů studijního programu.

PřF:C2131 Úvod do bioinformatiky

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D.

Vyučující

Mgr. Josef Houser, Ph.D. (přednášející)
Mgr. Lenka Malinová, Ph.D. (přednášející)
prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem předmětu je získání základních znalostí v oblasti bioinformatiky a povědomí o jejich využití v praxi. Kurz bude zaměřen především na nukleové kyseliny (včetně RNA) a proteiny, pozornost však bude věnována i dalším, většinou opomíjeným, biomolekulám — sacharidům a lipidům. Dále se budeme podrobněji zabývat i posttranslačními modifikacemi a jejich predikcí, které mohou být pro fyziologickou funkci proteinů klíčové. Studenti rovněž získají i základní informace o malých molekulách, které jsou často důležitými interakčními partnery bi-omakromolekul. V neposlední řadě bude představeno i zpracování rozsáhlých bioinformatických dat. V rámci kurzu budou rovněž kromě teoretických informací představeny i konkrétní bioinformatické nástroje a programy, se kterými budou studenti pracovat i v souběžně vyučovaném semináři.

Výukové metody

Teoretická příprava, prezentace pozvanými profesionály, skupinové řešení úkolů

Metody hodnocení

Ústní zkouška.

Výstupy z učení

Na konci kurzu student získá: 1) Základní bioinformatické znalosti a dovednosti. Student bude schopen: 1)

Zpracovávat bioinformatická data. 2) Predikovat základní vlastnosti biomakromolekul. 3) Využívat bioinformatické nástroje na řešení biologických problémů.

Osnova

- 1) Úvod. Organizace výuky. Doporučená literatura. Historie bioinformatiky. Základní vyhledávání informací. Bioinformatická data.
- 2) Nukleové kyseliny. Složení, struktura, funkce nukleových kyselin. Párování bází, dvoušroubovice. Genetická informace. Gen. Genetický kód. Čtecí rámce. Sekvence nukleových kyselin, databáze nukleových kyselin. Sekvencování nukleových kyselin. Organizace genomu. Genomové databáze.
- 3) Proteiny. Složení, struktura, funkce proteinů. Proteinogenní aminokyseliny. Nestandardní proteinogenní aminokyseliny. Názvosloví aminokyselin, zkratky. Translace. Posttranslační modifikace. Proteinové sekvence, databáze proteinů. Určování proteinové struktury, strukturní databáze proteinů.
- 4) Sacharidy a lipidy. Struktura, význam a funkce. Bioinformatický potenciál sacharidů. Glykoproteiny, jejich kódování v genomu. Názvosloví a grafické znázornění. Databáze a nástroje pro glykobioinformatiku a lipidobioinformatiku.
- 5) Malé molekuly. Význam, funkce. Databáze malých molekul.
- 6) Alignment. Molekulární fylogeneze. Fylogeneze. Molekulární fylogenetická data. Stromy. Tvorba stromů.
- 7) Predikce genů a promotorů. Prokaryota. Eukaryota. Predikce podle sekvenční homologie, predikce ab initio. Nástroje a programy pro predikci genů.
- 8) Nástroje pro práci s nukleovými kyselinami. Restriktasy. Palindromy. On-line databáze restriktas. PCR. Návrh primerů. Nástroje pro predikci vlastností RNA, predikce struktury RNA. RNAbioinformatika.
- 9) Predikce vlastností proteinů. Predikce základních vlastností proteinů, sekundární struktury a lokalizace. Predikce posttranslačních modifikací. Predikce interakčních partnerů a dalších vlastností proteinů.
- 10) Predikce 3D a 4D struktury proteinů.
- 11) Vizualizační nástroje. Souřadnice. Formáty. PyMOL a jiné nástroje.
- 12) Genomika. Anotace genomů.

Literatura

Žádné informace.

PřF:C3181 **Biochemie I**

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Petr Skládal, CSc.

Vyučující

prof. RNDr. Petr Skládal, CSc. (přednášející)

Cíle předmětu

Kurz se zabývá popisem základních složek živé hmoty a nejdůležitějšími chemickými pochody v přeměnách těchto látek především z hlediska toku látek a energie. Zahrnuje popis struktury a vlastností aminokyselin a bílkovin, sacharidů a lipidů. Je podán obecný popis chemických reakcí v buňce, zvláště z hlediska enzymové katalýzy: Enzymy a koenzymy, jejich vlastnosti, struktura, aktivní centrum. Termodynamika. Základy enzymové kinetiky, inhibice, allostérie. Regulace enzymové aktivity. Speciální část zahrnuje nejvýznamnější přeměny sacharidů a lipidů s důrazem na energetickou stránku metabolismu.

Absolvent kurzu má získat základní vědomosti o chemické stránce životních pochodů v buňce.

Výukové metody

Teoretická příprava formou přednášky.

Metody hodnocení

Základní přednáška 2h, doplněná seminářem 1h, navazuje základní biochemické praktikum

Výstupy z učení

Absolvent kurzu má získat základní vědomosti o chemické stránce životních pochodů v buňce, zejména o struktuře a funkci proteinů, enzymové katalýze, základech buněčné bioenergetiky, metabolismu sacharidů a lipidů.

Osnova

C3181-Biochemie I 1. Úvod. Chemické složení živé hmoty. Hierarchie struktur. Aminokyseliny, jejich vzorce, acidobazické rovnováhy, izoelektrický bod, optická aktivita, typické vlastnosti a reaktivita. Přehled aminokyselin. Analytické reakce a stanovení aminokyselin. 2. Peptidy, peptidová vazba, primární, sekundární, terciární, kvartérní struktura (supersekundární struktura, alfa-šroubovice, beta-struktura, skládaný list, nerepetitivní struktury, hydropatie, souvislost mezi primární a sekundární strukturou, vazby stabilizující sekundární a vyšší struktury). Bílkoviny v roztoku, denaturace. Katalytická funkce bílkovin. 3. Chemické reakce v živých organizmech. Termodynamika enzymových reakcí, spřažené reakce, makroergické vazby. Reakční kinetika, enzymy jako biokatalyzátory. Aktivní místo, katalytické místo, kofaktory, koenzymy a prostetické skupiny, mechanismus působení (příklad serinových proteináz), rozdělení enzymů a jejich třídy. Praktické aspekty — klinické a technologické aplikace, termostabilní enzymy. 4. Koenzymy a vitaminy. Koenzymy oxidoreduktáz (nikotinamid a NAD, flaviny, chinony, hemy, železosírné proteiny, lipoát.) transferáz (ATP, UDP, CDP, biotin, thiamin, koenzym A, THF, pyridoxalfosfát, vit B12) Vitamin C, lipofilní vitaminy (A, D3, K). 5. Rychlost enzymové reakce, aktivita, metody stanovení. Enzymová kinetika, stacionární stav. Rovnice Michaelise-Mentenové, určení K_m a V_{lim} , číslo přeměny, konstanta specifity. 6. Základní vlastnosti a metabolismus sacharidů. Monosacharidy, glykosidická vazba, vyšší struktury, zásobní polysacharidy. Štěpení a syntéza polysacharidů (škrob, glykogen). Interkonverse monosacharidů. Přímá oxidace glukosy, význam. Pentosový cyklus. 7. Anaerobní glykolýza, její jednotlivé kroky, energetická bilance. Substrátová fosforylace. Alkoholické kvašení. Technologický význam, nové perspektivy. Glukoneogeneze, syntéza PEP. Coriho cyklus. Oxidační dekarboxylace pyruvátu. 8. Struktura lipidů, jednoduché a složené lipidy. Biomembrány. Metabolismus lipidů, odbourání a syntéza tuků a fosfolipidů. Odbourání a syntéza mastných kyselin. Typy a struktura komplexů syntézy MK, příklad organizace a kooperace enzymů.

Ketonické látky. 9. Citrátový cyklus, reakce, význam, energetická bilance. Anabolický význam, anaplerotické reakce, glyoxylátový cyklus. Praktické aplikace, technologické využití. 10. Redoxní reakce v biochemii, rozdělení, smysl a význam. Respirační řetězec, jeho komponenty (cytochromy, ubiquinon), struktura komplexů I - IV. 11. Oxidační fosforylace, chemiosmotická teorie, protonmotivní síla a transmembránový potenciál. Syntéza ATP, struktura ATPsyntasy. Inhibitory respirace a syntéza ATP, rozpojovače, ionofory. Bilance oxidační fosforylace. Alternativní respirace. Oxidace a redukce anorganických sloučenin (kovy, S aj.) 12. Fotosyntéza, světelná fáze, chlorofyly, struktura fotosyntetického centra, Komponenty přenosu elektronů (cytochromy, chinony, plastocyanin, ferredoxin), FS-2, FS-1, mechanismus syntézy ATP. Rovnice světelné fáze a její bilance. Temná fáze fotosyntézy (Calvinův cyklus), RUBISCO, mechanismus fixace CO₂. Typy fotosyntézujících organizmů, další způsoby záhytu světla, chemotrofní asimilace C1. Ekologický a technologický význam fotosyntézy, perspektivy.

Literatura

Vodážka - Biochemie

Voet, Voetová - Biochemie; Zubay, Parson, Vance - Principles of Biochemistry

Mikeš - Základní pojmy z biochemie II

FI:IB113 Úvod do programování a algoritmizace

4 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Mgr. Radek Pelánek, Ph.D.

Vyučující

doc. Mgr. Radek Pelánek, Ph.D. (přednášející)

RNDr. Jaromír Plhák, Ph.D. (cvičící)

Štěpán Šonovský (cvičící)

Cíle předmětu

Předmět poskytuje systematické pokrytí základů programování. Pro výklad a cvičení je použit konkrétní programovací jazyk (Python), předmět se však zaměřuje na obecné principy. Po ukončení předmětu by studenti měli být schopni používat základní programátorské konstrukce (např. podmínky, cykly, funkce, základní datové typy) a znát několik základních algoritmů.

Výukové metody

přednášky, povinná cvičení u počítače, domácí úkoly (příklady k programování)

Metody hodnocení

Hodnocení se skládá ze 3 částí: průběžné domácí úkoly, programátorský test u počítače v průběhu semestru, závěrečná písemná zkouška.

Výstupy z učení

Student bude po absolvování předmětu:

- umět používat základní prostředky strukturovaného imperativního programování (proměnné, podmínky, cykly, funkce, složené datové typy);
- schopen napsat a odladit jednoduchý program v jazyce Python a při programování dodržovat doporučené zásady čitelnosti kódu;
- schopen používat základní datové typy a struktury (řetězce, seznamy, slovníky);
- mít povědomí o pokročilejších programátorských prvcích, jejichž zvládnutí je potřeba pro rozsáhlejší aplikace;
- znát několik klasických algoritmů a mít povědomí o základním přístupu k algoritmickému řešení problémů.

Osnova

Předmět ilustruje základní prvky imperativního programování a algoritmického myšlení skrze vysokoúrovňový jazyk Python a za bohatého použití ilustrativních příkladů.

Základní konstrukce imperativních programovacích jazyků: podmínky, cykly, základní datové typy, funkce, vstup a výstup.

Výpočty s čísly, číselné typy, využití náhody.

Datové struktury, seznamy, řetězce, vícerozměrná pole, slovníky, základy použití objektů.

Příklady základních algoritmů: největší společný dělitel, prvočísla, řadicí algoritmy, vyhledávání.

Želví grafika, bitmapová grafika, regulární výrazy, práce s textem.

Návrh programů, programátorské konvence, úprava kódu.

Literatura

doporučená literatura

PELÁNEK, Radek. *Programátorská cvičebnice: algoritmy v příkladech*. Brno: Computer Press, 2012, 175 s. ISBN 978-80-251-3751-2.

GUZDIAL, Mark a Barbara ERICSON. *Introduction to computing & programming in Python : a multimedia approach*. 2nd ed. Upper Saddle River [N.J.]: Prentice Hall, 2010, xxiii, 401. ISBN 9780136060239.

ZELLE, John M. *Python programming : an introduction to computer science*. Wilsonville: Franklin, Beedle & Associates, 2004, xiv, 514. ISBN 1887902996.

FI:IV107 Bioinformatika sekvencí a genomů

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D.

Vyučující

doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Předmět v oblasti aplikované informatiky, který si klade za cíl otevřít studentům dveře do fascinujícího světa molekul, genů a proteinů. V současnosti dochází k prudkému rozvoji bioinformatiky a aplikovaných přístupů převážně v biologii, chemii a medicíně, které vyžadují bioinformatické myšlení a schopnosti (práce s velkým množstvím biologických dat s využitím moderních metod informatiky).

Výukové metody

přednášky, počítačová cvičení

Metody hodnocení

V průběhu semestru absolvují studenti jeden kontrolní test. Předmět bude ukončen písemnou zkouškou.

Výstupy z učení

Absolvováním předmětu student získá nezbytné minimum znalostí pro pochopení základních biologických problémů, které se (nejlépe) řeší na počítači; pochopí a dokáže aplikovat vybrané přístupy k manipulaci bioinformatických dat.

Osnova

Historie a zaměření bioinformatiky
Základy molekulární biologie
Organizace živé hmoty
Struktura a funkce DNA
Struktura a funkce proteinů
Evoluce na úrovni genů a proteinů
Data v bioinformatice
Generování dat
Běžné formáty dat
Veřejná sekvenční data a přístup k nim
Analýza sekvence DNA
Analýza sekvencí proteinů
Hodnocení a vyhledávání podobnosti
Strukturní a funkční data
Jiná data a analýzy
Práce s expresními daty
Štěpení proteinů a hmotnostní spektra
Analýza dat v literatuře
Počítačová cvičení (4x): Zdroje dat, podobnostní vyhledávání, zobrazování molekul

Literatura

ZVELEBIL, Marketa J. a Jeremy O. BAUM. *Understanding bioinformatics*. New York, N.Y.: Garland Science, 2008, xxiii, 772. ISBN 9780815340249.

Fundamental concepts of bioinformatics. Edited by Dane E. Krane - Micheal L. Raymer. [1st ed.]. San Francisco: Benjamin Cummings, 2003, xiii, 314. ISBN 0-8053-4633-3.

FI:MB141 Lineární algebra a diskrétní matematika

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Mgr. Petr Hasil, Ph.D.

Vyučující

doc. Mgr. Petr Hasil, Ph.D. (přednášející)
Mgr. David Kruml, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Praktické seznámení se základy lineární algebry, analytické geometrie a elementární teorií dělitelnosti

Výukové metody

Přednáška kombinující teorii a ilustrativní řešené příklady. Cvičení zaměřené na zvládnutí početních úloh.

Metody hodnocení

Zkouška je písemná. K úspěšnému absolvování předmětu je nutná účast alespoň na 9 cvičeních z 13/14 a bodový zisk alespoň 40% ze zkoušky.

Výstupy z učení

Na konci tohoto kurzu bude student schopen: rozumět základním konceptům lineární algebry; aplikovat tyto koncepty na iterované lineární procesy; řešit základní úlohy analytické geometrie; aplikovat elementární teorii čísel v kryptografii.

Osnova

Obsah kurzu Lineární modely:

1. Geometrie v rovině. Komplexní čísla. 2. Soustavy lineárních rovnic, Gaussova eliminace. 3. Počítání s maticemi, inverzní matice a determinant. 4. Vektorové prostory, báze, dimenze, souřadnice. 5. Lineární zobrazení, vlastní čísla a vektory. 6. Afinní geometrie. 7. Eukleidovská geometrie. 8. Elementární teorie dělitelnosti. 9. Kongruence. 10. Aplikace v kryptografii. 11. Lineární procesy. 12. Lineární optimalizace.

Literatura**doporučená literatura**

PANÁK, Martin, Jan SLOVÁK a Michal BULANT. *Matematika drsně a svižně*. 2013. ISBN 978-80-210-6307-5. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.5817/CZ.MUNI.O210-6380-2013>. Základní učebnice matematiky pro vysokoškolské studium. Na MU využívána zejména jako podpora výuky matematiky na Fakultě informatiky. <https://www.muni.cz/vyzkum/publikace/1122631>

FI:MB142 Aplikovaná matematická analýza

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Mgr. Petr Hasil, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. Michal Veselý, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Jedná se o základní kurz matematické analýzy. Jeho cílem je seznámit posluchače se základy diferenciálního a integrálního počtu a nekonečnými řadami. Studenti se budou orientovat v základních metodách a budou schopni aplikovat tyto metody na konkrétní úlohy.

Výukové metody

Výuka je vedena formou přednášek a cvičení

Metody hodnocení

Dvouhodinová přednáška spolu s dvouhodinovým cvičením. Cvičení je celkově ohodnoceno max. 5 body, které si student přináší navíc ke zkoušce. Studenti, kteří během celého semestru (tj. ze cvičení) nezískají alespoň 2 body, budou hodnoceni známkou X a k závěrečné zkoušce již nejdou. Závěrečná písemná zkouška je na max. 40 bodů. Pro úspěšné ukončení předmětu (hodnocení minimálně E) je zapotřebí získat celkem alespoň 20 bodů.

Výstupy z učení

Studenti budou po absolvování předmětu schopni:
pracovat s derivací a integrálem (neurčitým i určitým);
analyzovat chování funkcí;
rozumět použití nekonečných číselných a mocninných řad;
rozumět vybraným aplikacím infinitezimálního počtu;
aplikovat metody diferenciálního a integrálního počtu na konkrétní úlohy.

Osnova

Spojité funkce a limity
Derivace funkcí a aplikace
Primitivní funkce
Riemannův integrál a jeho aplikace
Řady

Literatura

RILEY, K.F., M.P. HOBSON a S.J. BENICE. *Mathematical Methods for Physics and Engineering*. second edition. Cambridge: Cambridge University Press, 2004, 1232 s. ISBN 0 521 89067 5.

Matematická analýza pro fyziky. Edited by Pavel Čihák. Vyd. 1. Praha: Matfyzpress, 2001, v, 320 s. ISBN 80-85863-65-0.

DOŠLÁ, Zuzana a Vítězslav NOVÁK. *Nekonečné řady*. Vyd. 1. Brno: Masarykova univerzita, 1998, 113 s. ISBN 8021019492.

SLOVÁK, Jan, Martin PANÁK a Michal BULANT. *Matematika drsně a svižně*. 1. vyd. Brno: Masarykova univerzita, 2013, 773 s. ISBN 978-80-210-6307-5. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.5817/CZ.MUNI.O210-6308-2013>. Základní učebnice matematiky pro vysokoškolské studium http://www.math.muni.cz/Matematika_drsne_svizne

FI:MB143 Návrh a analýza statistických experimentů

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Mgr. David Kraus, Ph.D.

Vyučující

doc. Mgr. David Kraus, Ph.D. (přednášející)
RNDr. Radim Navrátil, Ph.D. (cvičící)
RNDr. Bc. Iveta Selingerová, Ph.D. (cvičící)
Bc. Markéta Trembaczová (cvičící)

Cíle předmětu

Kurs seznamuje studenty s principy a metodami statistické analýzy dat a s typy a charakteristikami dat vhodných k zodpovězení položených otázek.

Výukové metody

Přednášky: 2 hodiny týdně; zaměřeny na vysvětlení pojmů, principů a metod.
Cvičení: 2 hodiny týdně; zaměřeny na hlubší pochopení principů a metod, na jejich použití na konkrétní data pomocí statistického software R a na interpretaci získaných výsledků.

Metody hodnocení

V průběhu semestru: dva domácí úkoly celkem za 40 bodů. Po skončení semestru: písemná zkouška za 60 bodů. Závěrečné hodnocení se odvíjí od součtu S bodů z úkolů a písemné zkoušky. Pro úspěšné absolvování je potřeba nejméně 51 bodů. Přepočít bodů na známky: A pro S v [91,100], B pro S v [81,90], C pro S v [71,80], D pro S v [61,70], E pro S v [51,60], F pro S v [0,50].

Výstupy z učení

Po absolvování kursu student:

- umí zformulovat položenou otázku v řeči statistické inference (odhad parametrů nebo testování hypotéz ve vhodném modelu);
- umí pro základní typy dat zvolit vhodný model a pro zodpovězení nejčastějších otázek vhodnou metodu statistické inference, implementovat ji ve statistickém software R a správně interpretovat získané výsledky;
- dovede posoudit, jaké otázky a s jakou přesností/(ne)jistotou je možné s pomocí dostupných dat zodpovědět, anebo navrhnout, jaká data by se za účelem zodpovězení daných otázek s danou přesností/(ne)jistotou měla shromáždit.

Osnova

Základní pravděpodobnostní principy.
Náhodné veličiny, jejich charakteristiky a vzájemné vztahy.
Vlastnosti funkcí náhodných veličin.
Data jako realizace náhodných veličin.
Popisné statistiky a výběr vhodného modelu.
Bodové a intervalové odhady parametrů: principy a nejužívanější metody.
Testování hypotéz: principy a nejužívanější metody.
Lineární regrese, analýza rozptylu, analýza kovariance.
Způsoby sběru dat, jejich cíle, záběr a limitace.
Návrh experimentu.

Literatura**doporučená literatura**

CASELLA, George a Roger L. BERGER. *Statistical inference*. 2nd ed. Pacific Grove, Calif.: Duxbury, 2002, xxviii, 66. ISBN 0534243126.

MILLIKEN, George A. a Dallas E. JOHNSON. *Analysis of messy data..* Second edition. Boca Raton: CRC Press, 2009, xiii, 674. ISBN 9781584883340.

ZVÁRA, Karel a Josef ŠTĚPÁN. *Pravděpodobnost a matematická statistika [Zvára, 2001]*. 2. vyd. Praha: Matfyzpress, 2001, 230 s. ISBN 80-85863-76-6.

ANDĚL, J. *Základy matematické statistiky*. Praha: MFF UK, 2005.

ANDĚL, Jiří. *Statistické metody*. 1. vyd. Praha: Matfyzpress, 1993, 246 s.

FORBELSKÁ, Marie a Jan KOLÁČEK. *Pravděpodobnost a statistika I*. 1. vyd. Brno: Masarykova univerzita, 2013. Elportál. ISBN 978-80-210-6710-3. url <http://is.muni.cz/elportal/?id=1130308>

FORBELSKÁ, Marie a Jan KOLÁČEK. *Pravděpodobnost a statistika II*. 1. vyd. Brno: Masarykova univerzita, 2013. Elportál. ISBN 978-80-210-6711-0. url <http://is.muni.cz/elportal/?id=1130309>

FI:PB001 Úvod do informačních technologií

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Luděk Matyska, CSc.

Vyučující

prof. RNDr. Luděk Matyska, CSc. (přednášející)
doc. RNDr. Eva Hladká, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem předmětu je poskytnout studentovi základní orientaci v oblasti informačních technologií. Přednáška stručně uvádí nejen technické a programové vybavení současných počítačů, ale klade důraz i na etické a sociální rozměry IT.

Absolvent bude schopen pochopit fungování jednoduchých počítačových systémů.

Absolvent bude dále schopen pochopit a vysvětlit souvislosti a vztahy mezi jednotlivými komponentami složitějších počítačových systémů.

Absolvent bude rovněž schopen analyzovat a vysvětlit chování operačních systémů, počítačových sítí apod. z uživatelského pohledu.

Absolvent bude schopen zhodnotit etické důsledky své vlastní práce.

Výukové metody

Přednáška, bez cvičení a domácích úkolů

Metody hodnocení

Žádné průběžně klasifikované domácí úkoly či cvičení. Pouze písemná zkouška v průběhu zkouškového období (12 dotazů-oblastí s bodovým hodnocením 150 bodů; zkouška trvá 90 minut)

Výstupy z učení

Absolvováním předmětu student získá základní orientaci v počítačových a informačních technologiích a jejich návrhu. Konkrétně bude znát základní principy konstrukce počítačů a počítačových systémů, seznámí se s principy programování a základními konstrukty, jako je přerušení, synchronizace, vstup_výstup. Bude znát základy konstrukce operačních systémů jako příkladů velkých programových systémů, bude seznámen s API.

Získá rovněž základní přehled a orientaci v počítačových sítích a počítačové grafice.

Absolvent rovněž získá základní orientaci v etických a profesních souvislostech a bude se schopen vyjádřit ke společenským dopadům informatiky.

Osnova

Počítačové a komunikační systémy, role komponent (architektura, operační systémy, počítačové sítě), aplikace. Sociální a etický rozměr IT.

Počítačové architektury, zobrazení dat v počítači, von Neumannův model, principy organizace počítače.

Role operačních systémů (OS), historie vývoje, funkcionalita typického soudobého OS.

Otázky návrhu, efektivita, robustnost, flexibilita, kompatibilita, ...

Vliv požadavků bezpečnosti, sítí, grafických rozhraní, ...

Struktura OS (monolitický, vrstvený, modulární, mikro-kernel).

Abstrakce, procesy, zdroje, aplikační programová rozhraní.

Periferie, jejich správa, ovladače.

Ochrana, systémový a uživatelský prostor, kernel.

Sítě, historie sítí a Internetu, základní síťové architektury, distribuované systémy.

Sociální kontext IT, Informační společnost a Nová ekonomika.

Internet, růst, řízení, mezinárodní implikace.

Profesní a etická odpovědnost, základní zákony (ochrana osobních dat, digitální podpis, ...). Etické kódy, role profesních organizací. "Acceptable use policy" organizací.

Literatura**doporučená literatura**

SNYDER, Lawrence. *Fluency with information technology : skills, concepts, & capabilities*. 4th ed., International ed. Boston: Pearson, 2011, 813 s. ISBN 9780135125649.

KUROSE, James F. a Keith W. ROSS. *Počítačové sítě*. 1. vyd. Brno: Computer Press, 2014, 622 s. ISBN 9788025138250.

KUROSE, James F. a Keith W. ROSS. *Computer networking : a top-down approach*. 5th ed. New York: Addison-Wesley, 2010, xxiv, 862. ISBN 9780136079675.

HENNESSY, John L., David A. PATTERSON a Krste ASANOVIĆ. *Computer architecture : a quantitative approach*. 5th ed. Waltham, MA: Morgan Kaufmann/Elsevier, 2012, 1 svazek. ISBN 9780123838728.

A new economy? : the changing role of innovation and information technology in growth.. Paris: Organisation for Economic Co-operation and Development, 2000, 92 s. ISBN 9264176942.

BENSON E. Gabriel: *Introduction to Information Technology: Basic Insight Into The Modern World of Technology*. Benson by Amazon, 2023. 273 s. ISBN: 1708175148

2.2 Předměty profilujícího základu (P)

Jedná se o povinný nebo povinně volitelný předmět, jehož absolvováním student získává znalosti nebo dovednosti podstatné pro dosažení výstupů z učení studijního programu — obsah těchto předmětů je zahrnut ve státní závěrečné zkoušce.

PřF:Bi4020 Molekulární biologie

Předmět není v aktuálních obdobích! 3 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Jan Šmarda, CSc.

Vyučující

prof. RNDr. Jiří Doškař, CSc. (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem předmětu je seznámit studenty se strukturou genomů všech skupin organismů, vysvětlit, jak je v nich uložena genetická informace, jak se tato informace uchovává a realizuje. Studenti jsou seznámeni s procesy, kterými se genetická informace může změnit, jaké to má důsledky na fenotypové úrovni a jak lze cíleně genetickou informaci měnit.

Výukové metody

Přednáška je vyučována formou výkladu k powerpointovým předlohám zpracovaných podle učebnic, monografií a článků. Předlohy jsou v průběhu přednášky promítány, jejich obsah je vysvětlen a doplněn komentářem vyučujícího. Předlohy jsou též k dispozici v IS MUNI.

Metody hodnocení

Navštěvovat přednášky není povinné. Zkouška probíhá formou písemného testu formou 50 otázek pokrývajících dílčí tématické okruhy z probírané látky. K úspěšnému zvládnutí zkoušky je třeba zodpovědět správně alespoň 60% otázek. Doba trvání zkoušky je zhruba 60 minut.

Výstupy z učení

Po absolvování kurzu bude student schopen porozumět a vysvětlit na molekulární úrovni informace o struktuře a funkci genomů vztahují se k základním funkcím živých soustav (prokaryotické a eukaryotické organizmy a viry) a pochopit obecné principy procesů, jimiž se realizuje genetická informace probíhající ve všech živých soustavách, s ohledem na zvláštnosti hlavních skupin organismů (bakterie, archea, rostliny, živočichové a viry).

Osnova

1. Stručná historie molekulární biologie.
2. Nukleové kyseliny (primární, sekundární a terciární struktura DNA a RNA, různé konformace DNA a jejich význam v biologických systémech)
3. Genetická informace a genetický kód
4. Molekulární struktura prokaryotického a eukaryotického genomu
5. Replikace prokaryotického a eukaryotického genomu
6. Transkripce prokaryotického a eukaryotického genomu. Posttranskripční úpravy a modifikace RNA, zvláště u eukaryot Mechanizmy sestřihu a samosestřihu
7. Translace prokaryotické a eukaryotické mRNA
8. Regulace genové exprese u prokaryot a eukaryot. Signální dráhy v eukaryotické buňce a jejich vztah k aktivaci transkripčních faktorů
9. Molekulární podstata získané imunity. Příčiny variability protilátek.
10. Molekulární mechanismy mutagenese a rekombinace. Reparace mutačně poškozené DNA.
11. Mobilní genetické elementy: Transpozony a retrotranspozony.
12. Základy genového inženýrství

Literatura**doporučená literatura**

WILSON, John H. a Tim HUNT. *Molecular biology of the cell : the problems book / John Wilson and Tim Hunt*. Sixth edition. New York: Garland Science, 2014, xvi, 966. ISBN 9780815344537.

CLARK, David P. *Molecular biology*. Amsterdam: Elsevier, 2005, xviii, 784. ISBN 0121755517.

ALBERTS, Bruce. *Základy buněčné biologie : úvod do molekulární biologie buňky a : Essential cell biology (Orig.)*. Ústí nad Labem: Espero Publishing, xxvi, 630,.

neurčeno

SNUSTAD, D. Peter a Michael J. SIMMONS. *Genetika*. Translated by Jiřina Relichová. Druhé, aktualizované vydání. Brno: Masarykova univerzita, 2017, xix, 844. ISBN 9788021086135.

PřF:C2133 Úvod do chemoinformatiky

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Kurs je zaměřen na získání úvodních znalostí v oblasti chemoinformatiky. Základní ideou předmětu je vysvětlit nejdůležitější chemoinformatické metodiky pro práci s informacemi o malých organických molekulách.

Na konci tohoto kurzu bude student schopen:

Porozumět a reprezentovat 1D, 2D a 3D struktury malých organických molekul v počítači;

Porozumět metodikám pro predikci aktivity a vlastností molekuly a pro charakterizaci podobnosti molekuly.

Porozumět základním přístupům předpovědi vztahu struktura — aktivita — biologická funkce

Výukové metody

přednášky s praktickými demonstracemi

Metody hodnocení

Písemný test

Výstupy z učení

Po skončení kurzu bude student schopen popsat základní chemoinformatické metodiky pro práci s malými organickými molekulami a ukázat jejich aplikaci na vybraných příkladech.

Osnova

1. Co je chemoinformatika - popis oboru, jeho historie a využití
2. Databáze malých organických molekul
3. Zápis molekuly pomocí řetězce (SMILES, InChi, InChiKey), problém unikátního zápisu
4. Reprezentace a manipulace s dvoudimenzionálními (2D) strukturami molekul
5. Způsoby vyjádření 3D struktury molekuly a molekulárního systému
6. Molekulární deskriptory
7. Fingerpriny - vektory popisující struktury a vlastnosti molekul
8. Modely pro studium kvantitativních vztahů mezi strukturou a aktivitou látek — QSAR
9. Modely pro studium kvantitativních vztahů mezi strukturou a vlastnostmi látek — QSPR
10. 3D QSAR a 3D QSPR modely
11. Metody pro měření molekulární podobnosti
12. Chemický prostor a metodiky práce s ním

Literatura

LEACH, Andrew R. a Valerie J. GILLET. *An introduction to chemoinformatics*. Dordrecht: Springer, 2005, xv, 259 s. ISBN 1-4020-1347-7.

BUNIN, Barry A. *Chemoinformatics : theory, practice, & products*. Dordrecht: Springer, 2007, xi, 295. ISBN 1402050003.

PřF:C3210 **Strukturní bioinformatika**

Předmět není v aktuálních obdobích! 1 kredit, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D.

Vyučující

Mgr. Josef Houser, Ph.D. (přednášející)
Mgr. Filip Melicher (přednášející)
MVDr. Eva Paulenová, Ph.D. (přednášející)
prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem předmětu je seznámit studenty se strukturními motivy bílkovin a nukleových kyselin, s metodami pro stanovení 3D struktury proteinů, s fyzikálně-chemickými principy interakcí v proteinech a využití těchto znalostí pro návrh biologicky aktivních molekul.

Výukové metody

Teoretická příprava formou přednášky.

Metody hodnocení

Písemný test a ústní zkouška. Test je tvořen 30 otázkami, pro úspěšné absolvování zkoušky je nutné zodpovědět správně alespoň 20 z nich.

Výstupy z učení

Po úspěšném ukončení kurzu bude student schopen: popsat základní strukturní motivy bílkovin a nukleových kyselin; ovládat teoretické principy metod pro předpovídání 3D struktury proteinů; vysvětlit podmíněnost funkce biopolymerů jejich 3D strukturou; demonstrovat praktickou použitelnost výše uvedených principů pro návrhy nových biologicky aktivních molekul.

Osnova

1.Co je strukturní bioinformatika, definice předmětu. 2.Jak získat 3-D strukturu molekuly a molekulárního systému 3.Základní strukturní motivy v bílkovinách, struktura bílkovin 4.Základní strukturní motivy v nukleových kyselinách, struktura nukleových kyselin 5.Energie jako klíčový fenomén při předpovědi 3-D struktury 6.Molekulová mechanika 7.Řešení konformačního problému, konformační prohledávání 8.Ukládání 3-D dat v databázích, pdb formát 9.Homologní modelování a „ threading “10.Molekulární komplexy, docking 11.Strukturní bioinformatika a návrhy biologicky aktivních látek 12.Návrhy léků na bázi receptoru a farmakoforu

Literatura

Structural bioinformatics. Edited by Philip E. Bourne - Helge Weissig. Hoboken, N.J.: Wiley-Liss, 2003, xix, 649. ISBN 0471201995. http://www.e-streams.com/es0607/es0607_2557.html

FI:PA052 **Úvod do systémové biologie**

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Luboš Brim, CSc.

Vyučující

doc. RNDr. David Šafránek, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Studenti budou po absolvování tohoto kurzu seznámeni s problematikou komplexních systémů v biologii; porozumí základním principům systémové biologie; získají jasnou motivaci pro uplatnění inforatických přístupů a myšlení v moderní biologii.

Výukové metody

přednáška, samostatné studium, kvízy

Metody hodnocení

Zkouška je písemná. V případě zadání průběžných testů během semestru, mají tyto podíl nejvýše 30% na závěrečném hodnocení. Pomocné materiály nejsou povoleny.

Výstupy z učení

Student bude po absolvování předmětu schopen:

- posoudit a diskutovat výhody a nevýhody metod z oblasti výpočetní systémové biologie;
- interpretovat paradigma systémové biologie;
- pojmenovat základní principy uplatňované v systémové biologii;
- obhájit své myšlenky a názory před ostatními studenty a vyučujícím.

Osnova

Historie a zaměření systémové biologie.

Úvod do biologických pojmů.

Základní pojmy a principy systémového paradigmatu.

Modelové organismy.

Získávání biologických dat - Databáze systémově biologických znalostí.

Průběh výzkumu v systémové biologii, role informatiky.

Pojem modelu v systémové biologii, databáze modelů.

Příklady systémově biologického výzkumu.

Syntetická biologie - Návrh a rekonstrukce biologických systémů.

Informace v biologii a o biologii.

Literatura**doporučená literatura**

ALON, Uri. *An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits*. Chapman & Hall/Crc, 2006.

FI:PA055 Vizualizace bioinformatických dat

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D.

Vyučující

doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Studenti se seznámí s komplexními typy dat zejména v bioinformatice, způsoby jejich vizualizace na praktických příkladech v jazyce R a Processing nebo z vědecké literatury.

Výukové metody

přednášky, cvičení, krátké studentské prezentace

Metody hodnocení

hodnocené úkoly, skupinový projekt a písemná zkouška

Výstupy z učení

Na konci kurzu studenti dokáží:

vysvětlit základní principy a cíle vizualizace

připravit bioinformatická data pro vizualizaci

zhodnotit existující vizualizaci z hlediska vhodnosti zvolených prostředků

vytvořit vlastní statickou nebo interaktivní vizualizaci zvolených bioinformatických dat

Osnova

1. Úvod do vizualizace dat

2. Výpočtové prostředí R a jeho vizualizační nástroje

3. Výpočtové prostředí Processing a jeho vizualizační nástroje

4. Potřeba vizualizace a druhy dat v bioinformatice a systémové biologii

5. Předzpracování dat (odhad a redukce dimenzí, PCA, shlukování, metriky pro výpočet podobnosti, vícerozměrné škálování)

6. Přehled vizualizačních technik (souřadnicové grafy, histogramy, stromy a jiné grafy, mapy, hybridní vizualizace)

7. Příklady vizualizace v bioinformatice, systémové biologii (genomy a proteomy, měření exprese, ontologie, signální a metabolické dráhy) a jiných disciplínách

Literatura

Handbook of data visualization. Edited by Chun-houh Chen - Wolfgang Härdle - Antony Unwin. Berlin: Springer, 2008, xiii, 936. ISBN 9783540330370.

SARKAR, Deepayan. *Lattice : multivariate data visualization with R*. New York: Springer, 2008, xvii, 265. ISBN 9780387759685.

FRY, Ben. *Visualizing data*. Beijing: O'Reilly, 2008, xiii, 366. ISBN 9780596514556.

FI:PB007 Software Engineering I

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Ing. RNDr. Barbora Bührenová, Ph.D.

Vyučující

doc. Ing. RNDr. Barbora Bührenová, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

The aim of the course is to introduce the students to the lifecycle of the analysis, design, development and operation of complex software systems, respecting various aspects of systems quality and sustainability.

Výukové metody

Lectures, seminars, team projects (2-3 member teams).

Metody hodnocení

Team UML project (required to be completed before the exam), weekly tests (10 tests, 20 points) and final written exam consisting of a test (7 questions, 35 points) and UML model (35 points). To pass the course, one needs to have 50+ points from the sum of all points (bonus points do not count towards this limit) and 15+ points from the modelling part of the exam.

Výstupy z učení

At the end of the course students should:

know the basic steps and tasks of the IS development process;

have detailed understanding of the techniques of requirements specification, system analysis and design, testing and maintenance;

know the characteristics of object-oriented approach to system analysis and design;

be able to model a medium-size IS in UML.

Osnova

Software development, UML Use Case diagram.
Requirements specification, UML Activity diagram.
System analysis and design, structured vs. object-oriented A&D.
Object oriented analysis, UML Class diagram, Object diagram and State diagram.
Data modelling and management, ERD.
High-level design, UML Class diagram in design.
Low-level design and implementation, UML Interaction diagrams.
Architecture design, UML Package, Component and Deployment diagram.
Testing, verification and validation.
Operation, maintenance and system evolution.
Software development management.
Advanced software engineering techniques.

Literatura

SOMMERVILLE, Ian. *Software engineering*. 6th ed. Harlow: Addison-Wesley Publishing Company, 2001, xx, 693. ISBN 020139815X.

ARLOW, Jim a Ila NEUSTADT. *UML 2.0 and the unified process : practical object-oriented analysis and design*. 2nd ed. Boston: Addison-Wesley, 2005, xxiii, 592. ISBN 9780321321275.

FI:PB050 Modelování a predikce v systémové biologii

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. RNDr. David Šafránek, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. David Šafránek, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Absolventi tohoto kurzu budou schopni:
pochopit základní principy kvantitativního modelování,
porozumět problematice konstrukce dynamických modelů komplexních systémů v oblasti biologických procesů;
uplatnit základní informatické a matematické principy v oblasti modelování a analýzy komplexních systémů se specifickým zaměřením na biologické systémy;
efektivně použít volně dostupné softwarové nástroje pro modelování a analýzu biologických procesů;
modelovat a analyzovat dynamické vlastnosti interakčních sítí

Výukové metody

nominálně pravidelné přednášky, nepovinné domácí cvičení, skupinové semestrální projekty; při nemožnosti fyzického kontaktu pravidelná asynchronní výuka videokonferenčně (kombinace přednášek a cvičení), skupinové semestrální projekty zachovány

Metody hodnocení

Nominálně je předmět zakončen písemnou zkouškou, v případě online výuky je nahrazena ústní zkouškou. Součástí hodnocení je vypracování semestrálního projektu. Projekt představuje 50% závěrečného hodnocení.

Výstupy z učení

Absolventi tohoto kurzu budou schopni:
vysvětlit základní postupy kvantitativního modelování,
konstruovat dynamické modely komplexních systémů v oblasti biologických procesů;
použít základní informatické a matematické principy v oblasti modelování a analýzy komplexních systémů se specifickým zaměřením na biologické systémy;
použít volně šiřitelné softwarové nástroje pro modelování a analýzu biologických procesů.

Osnova

Základní pojmy: živý organismus jako systém s přesně definovanou strukturou a chováním, in silico model, abstrakce, simulace a predikce, validace modelu.

Specifikace biologického modelu: biologické sítě a dráhy, statické vlastnosti rozsáhlých sítí, motivy.

Dynamické modely. Modelování a simulace biologických procesů: deterministický (populační) model chemických reakcí a regulací, predikce dynamických vlastností, použití matematických a informatických nástrojů (CO-PASI, Dizzy).

Emergentní vlastnosti dynamiky, jejich specifikace a analýza, použití informatických nástrojů (BioCHAM).

Příklady modelů: genetická regulační síť bakterie E. coli, modely syntézy lokomočních orgánů a chemotaxe, stresové modely.

Pojem stochasticity v dynamice biologických systémů, základní principy stochastických (populačních) modelů, chemical master equation, Monte Carlo simulace.

Parametrizace modelu, robustnost a citlivost.

Literatura**doporučená literatura**

VRIES, Gerda de. *A course in mathematical biology : quantitative modeling with mathematical and computational methods*. Philadelphia, Pa.: Society for Industrial and Applied Mathematics, 2006, xii, 309. ISBN 0898716128. <http://www.loc.gov/catdir/enhancements/fy0665/2006044305-t.html>

ALON, Uri. *An Introduction to Systems Biology: Design Principles of Biological Circuits*. Chapman & Hall/Crc, 2006.

WILKINSON, Darren James. *Stochastic modelling for systems biology*. Boca Raton: Chapman & Hall/CRC, 2006, 254 s. ISBN 1584885408.

neurčeno

NOBLE, Denis. *Music of life : biology beyond the genome*. Oxford: Oxford University Press, 2006, xiii, 153. ISBN 9780199295739.

System modeling in cell biology : from concepts to nuts and bolts. Edited by Zoltan Szallasi - Jorg Stelling - Vipul Periwal. Cambridge, Mass.: MIT Press, 2006, xiv, 448. ISBN 0262195488.

Computational modeling of genetic and biochemical networks. Edited by James M. Bower - Hamid Bolouri. Cambridge: Bradford Book, 2001, xx, 336. ISBN 0262524236.

FI:PB051 Výpočetní metody v bioinformatice a systémové biologii

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D.

Vyučující

doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D. (přednášející)
doc. RNDr. David Šafránek, Ph.D. (přednášející)
doc. Mgr. Bc. Vít Nováček, PhD (přednášející)

Cíle předmětu

Student bude schopen: zvolit pro daný problém vhodnou výpočetní metodu; získat a připravit potřebná data; provést výpočet pomocí vlastních nebo obecně dostupných programů

Výukové metody

kombinace přednášek a cvičení

Metody hodnocení

Vybrané hodnocené cvičení; písemná zkouška

Výstupy z učení

Po absolvování bude student schopen:

- vybrat pro daný problém vhodnou výpočetní metodu;
- analyzovat vybrané typy experimentálních dat;
- aplikovat softwarové nástroje na vybrané problémy zpracování dat;
- vytvářet a modifikovat kvalitativní model biologické sítě.

Osnova

Kurz bude rozdělen do dvou částí, v každé se budou studenti věnovat 1-2 oblastem:

Bioinformatika:

sběr a příprava sekvencí,
zjišťování konsenzuální sekvence,
analýza výskytu sekvencí v genomech, anotace genomu,
mapování anotace na strukturu proteinu

Systémová biologie:

rekonstrukce biologických sítí s využitím data miningu,
integrace dat prostřednictvím biologických sítí,
statická analýza biologických sítí, využití genové ontologie,
genetické regulační sítě, analýza genové exprese,
základy inference a analýzy kvalitativních modelů biologických sítí.

U všech probíraných technik se studenti seznámí s relevantními nástroji formou praktických cvičení (hands-on).

Literatura

doporučená literatura

ZVELEBIL, Marketa J. a Jeremy O. BAUM. *Understanding bioinformatics*. New York, N.Y.: Garland Science, 2008, xxiii, 772. ISBN 9780815340249.

KLIPP, Edda. *Systems biology in practice : concepts, implementation and application*. Weinheim: Wiley-Vch, 2005, xix, 465. ISBN 3527310789.

Computational modeling of genetic and biochemical networks. Edited by James M. Bower - Hamid Bolouri. Cambridge: Bradford Book, 2001, xx, 336. ISBN 0262524236.

neurčeno

Systems biology : principles, methods, and concepts. Edited by Andrzej K. Konopka. Boca Raton: CRC Press, 2007, 244 s. ISBN 9780824725204.

FI:PB168 Základy databázových a informačních systémů

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. RNDr. Vlastislav Dohnal, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. Vlastislav Dohnal, Ph.D. (přednášející), prof. Ing. Pavel Zezula, CSc. (zástupce)
RNDr. Jaroslav Ráček, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem kurzu je seznámit studenty se základy databázových a informačních systémů. Studenti budou stručně seznámeni s účelem informačních systémů a základy jejich návrhu. Podrobnější informace získají v oblasti databázových systémů, zejména jde o principy fungování DB systémů, datové modelování, dotazování a používání analytických nástrojů. Cílem cvičení je procvičit vybrané pasáže z přednášek. Studenti získají základní představu o náročnosti procesu tvorby informačních systémů a jeho průběhu. Dále získají hlubší teoretické znalosti i praktické zkušenosti v databázových systémech, budou schopni samostatně formulovat dotazy pro relační databáze.

Výukové metody

Přednášky (2h týdně) a cvičení (2h týdně).

Metody hodnocení

Písemná zkouška, zpracování individuálního projektu (datový a funkční model, SQL).

Výstupy z učení

Student bude po absolvování předmětu schopen:

- vysvětlit základní principy a postupy při návrhu software;
- aplikovat tyto postupy pro vytvoření modelu menšího informačního systému;
- vysvětlit principy fungování relačních databázových systémů;
- navrhnout a implementovat relační model pro ukládání dat v informačním systému;
- formulovat základní příkazy jazyka SQL (aktualizace dat a zejména dotazování);
- orientovat se v problematice analýzy a návrhu databázově zaměřených informačních systémů.

Osnova

Úvod do informačních systémů. Co je to informační systém, jeho úloha, užitečnost. Typická struktura a součásti informačního systému, příklady. Moderní informační systémy.

Úvod do databázových systémů. Co je to systém pro řízení báze dat, jeho úloha, použití, příklady. Datová abstrakce, modely, příklady.

Architektura databází. Návrh DB, dotazování. Dotazovací jazyky. Architektura DB. Uživatelé databáze.

Entitně-relační model. Atributy, entitní množiny. Vztahy, násobnosti vztahů. Pojem klíče, primární klíč.

Relační model. Relace, atributy, vztahy. Převod mezi entitně-relačním modelem. Referenční integrita.

Návrh databází. Funkční závislosti. Normální formy. Dekompozice.

Dotazovací jazyk SQL. Úvod, základní konstrukce. Příkaz select, spojování relací, agregační funkce. Modifikace a mazání. Definice dat, pohledy.

Zpracování dotazů. Základní principy, příklad. Indexování. Úvod do optimalizace dotazů. Transakce. Vlastnosti transakčního zpracování.

Analytické nástroje. OLAP — Online Analytical Processing. Data mining. Aplikace pro databáze.

Specifika databázových systémů. Technologie přístupu k databázím. Geografické informační systémy. Multidimenzionální databáze. Temporální databáze.

Tvorba informačních systémů. Životní cyklus IS. Analýza a návrh systému. Strukturovaná analýza. Diagram datových toků, minispecifikace.

Diagram případů užití. Diagram posloupností. Diagram tříd.

Principy strukturované analýzy a návrhu vycházející z YMSA a SSADM. Funkční dekompozice. Vyvažování funkčních a datových modelů.

Literatura**doporučená literatura**

SILBERSCHATZ, Abraham, Henry F. KORTH a S. SUDARSHAN. *Database system concepts*. 5th ed. Boston: McGraw-Hill, 2006, xxvi, 1142. ISBN 0072958863.

RÁČEK, Jaroslav. *Strukturovaná analýza systémů*. Brno: Masarykova univerzita, 2006, 104 s. FI. ISBN 80-210-4190-0.

KRÁL, Jaroslav. *Informační systémy :specifikace, realizace, provoz*. 1. vyd. Veletiny: Science, 1998, 358 s. ISBN 80-86083-00-4.

2.3 Ostatní povinné a povinně-volitelné předměty**PřF:C2110 Operační systém UNIX a základy programování**

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení k, garant předmětu RNDr. Petr Kulhánek, Ph.D.

Vyučující

RNDr. Petr Kulhánek, Ph.D. (přednášející)
Mgr. Tomáš Bouchal, Ph.D. (cvičící)

Cíle předmětu

Na konci kurzu bude student ovládat základní příkazy operačních systémů Unix a Linux. Bude je schopen spojovat do složitějších konstrukcí pomocí skriptování. Dále bude schopen vytvářet skripty v programovacích jazycích AWK a gnuplot. Jejich kombinací bude schopen analyzovat výstupy ze základních vědecko-technických výpočtů. Nabyté schopnosti jsou nezbytným předpokladem pro počítačovou chemii a molekulové modelování a pro případné navazující studium programování v kompilovaných jazycích (C/C++).

Výukové metody

přednášky, procvičování praktických příkladů, diskuze

Metody hodnocení

Účast v cvičení je povinná (povolené jsou dvě dopředu omluvené absence). V průběhu semestru se uskuteční dva testy (2x 10 bodů). Ve zkušebním období pak závěrečný test (50 bodů) a samostatné sestavení skriptu (30 bodů). Pro úspěšné zakončení předmětu je zapotřebí získat minimálně 80 bodů.

Výstupy z učení

Student bude po absolvování předmětu: - znát základní příkazy operačních systémů Unix a Linux;

- schopen spojovat příkazy do složitějších konstrukcí pomocí skriptování;
- schopen vytvářet skripty v programovacích jazycích AWK a gnuplot;
- provádět automatizovanou analýzu výsledků vědecko-technických výpočtů;

Osnova

1. Klastř WOLF (struktura, pravidla používání, správci)
2. Přihlašování (místní a vzdálené přihlášení, export displeje, změna hesla)
3. Programové vybavení (systémové aplikace, vědeckotechnické aplikace)
4. Textové editory (vi, grafické textové editory)
5. Příkazová řádka (terminály, struktura, historie a automatické dokončování)
6. Souborový systém (struktura, absolutní a relativní cesty, práva, speciální soubory, diskové oddíly)
7. Příkazy (manuálové stránky, přehled příkazů)
8. Procesy (procesy, standardní vstup a výstup, přesměrování, roury)
9. Úvod do skriptování (co je to skriptování, výhody a nevýhody, spouštění skriptů)
10. Skriptování v jazyce Bash (proměnné, základní řídicí konstrukce)
11. Skriptování v programu gnuplot (vykreslování 2D a 3D grafů, interaktivní versus neinteraktivní mód)
12. Skriptování v jazyce AWK (základní konstrukce, jednoduché zpracovávání textových souborů)
13. Použití skriptování při analýze dat (znázornění průběhu výpočtu Gibbsových energií, studentské projekty)

Literatura

HAHN, Harley a Peter NORTON. *Průvodce UNIXEM od Petera Nortona : Jak komunikovat s UNIXEM, jak UNIX ukládá a zobrazuje informace, používání unixového systému souborů, práce s editorem vi : Peter Norton's Guide to UNIX (Orig.)*. 1.vyd. Brno: UNIS, 1993, XXIV, 562.

BRANDEJS, Michal. *UNIX - Linux : praktický průvodce*. 1. vyd. Praha: Grada, 1996, 340 s. ISBN 8071691704.

PETRLÍK, Lukáš. *Jemný úvod do systému UNIX*. 1. vyd. České Budějovice: Kopp, 1995, 189 s. ISBN 80-85828-28-6.

PřF:C2132 Úvod do bioinformatiky - seminář

Předmět není v aktuálních obdobích! 1 kredit, ukončení z, garant předmětu prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D.

Vyučující

Mgr. Josef Houser, Ph.D. (přednášející)
Mgr. Lenka Malinovská, Ph.D. (přednášející)
prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem předmětu je praktické procvičení znalostí získaných v předmětu C2131 Úvod do bioinformatiky.

Výukové metody

Skupinové řešení úkolů, domácí úkoly.

Metody hodnocení

Závěrečný písemný test.

Výstupy z učení

Student bude na konci kurzu schopen: 1) Predikovat geny v DNA sekvenci. 2) Pracovat se sekvencemi proteinů a DNA. 3) Využívat predikční nástroje. 4) Využívat vizualizační nástroje.

Osnova

- 1) Genetická informace, genetický kód. Překlad DNA sekvence — podle kodonové tabulky, online nástroje.
- 2) Názvosloví aminokyselin a zkratky — třípísmenné, jednopísmenné.
- 3) Bioinformatické nástroje pro predikci glykosylace.
- 4) Databáze malých molekul.
- 5) Alignment. Matice. Lokální, globální alignment.
- 6) Identifikace ORF v sekvenci.

- 7) Identifikace palindromů v sekvenci.
- 8) Predikce sekundární struktury ze sekvence proteinu.
- 9) Predikční nástroje. Základní vlastnosti proteinů.
- 10) Pdb formát. PyMOL.
- 11) Distanční matice. Využití pro tvorbu stromů.
- 12) Nástroje pro anotaci genomů.

Literatura

Žádné informace.

PřF:C2135 Bioinformatika v praxi

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení k, garant předmětu prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D.

Vyučující

prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D. (přednášející)
Mgr. Lenka Malinovská, Ph.D. (cvičící)
Mgr. Josef Houser, Ph.D. (cvičící)

Cíle předmětu

Na konci tohoto kurzu bude student schopen:

vyhledávat informace a pracovat s biologickými databazemi; provadet samostatně bioinformatickou analýzu dat. Připravit experimentální projekt zaměřený na klonování proteinu.

Výukové metody

teoretická příprava, praktické cvičení in silico, samostatný projekt

Metody hodnocení

ukončený samostatný projekt, ústní pohovor

Výstupy z učení

Na konci kurzu student získá: 1) Základní bioinformatické znalosti a dovednosti. Student bude schopen: 1) Zpracovávat bioinformatická data. 2) Predikovat základní vlastnosti biomakromolekul. 3) Využívat bioinformatické nástroje na řešení biologických problémů.

Osnova

Vyhledávání informací. Vyhledávání informací obecně, databáze biologických dat, instituce pro správu bioinformatických dat

Sekvenční přiložení (sequence alignment). Parametry (gaps, matrix). Přiložení genové vs. proteinové sekvence. Repetice. Přiložení jako nástroj analýzy sekvenčních dat.

Predikce genů, proteinů a jejich funkce.

Design primerů. Význam primerů, základní charakteristiky, tvorba sekundárních struktur, problém chybného nasednutí (false priming), design vlastních primerů.

Klonování a restrikční štěpení.

Predikce vlastností proteinů. Co lze predikovat, srovnání náročnosti a spolehlivosti experimentu a výpočtu.

Samostatný projekt: identifikace potenciálních genů důležitých pro virulenci v genomu neznámého organismu a určení funkce kódovaných proteinů.

Praktická úloha 1. Polymerázová řetězová reakce a elektroforéza v agarosovém gelu.

Praktická úloha 2. Izolace produktu PCR, štěpení restrikčními endonukleasami.

Literatura

doporučená literatura

ŠMARDA, Jan, Jiří DOŠKAŘ, Roman PANTŮČEK, Vladislava RŮŽIČKOVÁ a Jana KOPTÍKOVÁ. *Metody molekulární biologie*. 2. dotisk 1. vydání. Brno: Masarykova univerzita, 2010, 194 s. ISBN 978-80-210-3841-7.

XIONG, Jin. *Essential bioinformatics*. 1st pub. Cambridge: Cambridge University Press, 2006, xi, 339. ISBN 0521600820.

PřF:C2142 Návrh algoritmů pro přírodovědce

Předmět není v aktuálních obdobích! 3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D. (přednášející)
RNDr. Tomáš Raček, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Představit studentům stěžejní principy pro návrh efektivních algoritmů a datových struktur na zajímavých problémech z oblasti přírodních věd.

Výukové metody

Standardní přednáška doplněná cvičeními. Nepovinné domácí úkoly.

Metody hodnocení

Závěrečná písemná zkouška. Pro úspěšné ukončení zkouškou je potřeba alespoň 60 % bodů, pro ukončení zápočtem pak 40 %.

Výstupy z učení

Na konci tohoto kurzu budou studenti umět popsat a aplikovat známé algoritmy pro řešení obvyklých problémů. Navíc budou schopni navrhovat nové přístupy pro konkrétní aplikace s důrazem na efektivitu řešení. Absolventi také získají schopnost kriticky posoudit a vybrat optimální řešení pro méně obvyklé problémy.

Osnova

1. Od problému k algoritmu. Specifikace, korektnost.
2. Úvod do složitosti. Ukázky přírodovědných problémů s logaritmickou, polynomiální a exponenciální složitostí.
3. Základní datové struktury (spojový seznam, fronta, zásobník). Aplikace v biologii a chemii.
4. Motivace k vyhledávání dat, řadicí algoritmy (binární půlení, Selection sort, Merge sort). Aplikace při zpracování chemoinformatických a bioinformatických dat.
5. Vyhledávací stromy, haldy (BST, Heap sort). Aplikace při zpracování chemoinformatických a bioinformatických dat.
6. Hashování, indexy. Možnosti využití v biologii a počítačové chemii.
7. Základní pojmy teorie grafů, jejich reprezentace, metody prohledávání (BFS, DFS). Molekulový graf.
8. Nejkratší vzdálenosti (Dijkstra, Bellman-Ford). Využití při práci s molekulovým grafem.
9. Kostry (Prim, Kruskal, Union-Find). Využití při zpracování molekulového grafu.
10. Přístupy k řešení problémů I (hrubá síla, rekurzivní algoritmy, rozděl a panuj, hladové algoritmy). Aplikace v oblasti chemoinformatiky a bioinformatiky.
11. Přístupy k řešení problémů II (backtracking, dynamické programování, heuristiky). Aplikace v biologii a chemii.
12. Těžké problémy (TSP, P vs. NP). Ukázky těžkých problémů v přírodních vědách.

Literatura**doporučená literatura**

Introduction to algorithms. Edited by Thomas H. Cormen. 3rd ed. Cambridge, Mass.: MIT Press, 2009, 1 online r. ISBN 0262533057.

COMPEAU, Phillip a Pavel PEVZNER. *Bioinformatics algorithms : an active learning approach*. La Jolla, Calif.: Active Learning Publishers, 2014, xxii, 362. ISBN 9780990374602.

PřF:C2144 **Python pro bioinformatiky**

Předmět není v aktuálních obdobích! 6 kreditů, ukončení zk, garant předmětu RNDr. Tomáš Raček, Ph.D.

Vyučující

RNDr. Tomáš Raček, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Studenti budou zdokonalovat své dovednosti v programování v jazyce Python s důrazem na aplikace v oblasti bioinformatiky. Dále se pak naučí v rámci menších projektů efektivně zpracovávat a analyzovat biologická data pomocí Pythonu a relevantních knihoven.

Výukové metody

Přednášky a praktická cvičení, menší týmový projekt.

Metody hodnocení

Povinná docházka spolu s obhajobou projektu menšího rozsahu v závěru semestru.

Výstupy z učení

- Po skončení kurzu bude schopen student:
- Rozšířit a optimalizovat existující kód v Pythonu.
 - Aplikovat Python na analýzu biologických dat a sestavovat vhodné algoritmy.
 - Přístupovat automaticky k bioinformatickým databázím a zdrojům.
 - Vytvářet jednoduché bioinformatické projekty od návrhu až po implementaci.

Osnova

- Opakování základů Pythonu na bioinformatických příkladech
- Seznámení s bioinformatickými knihovnami v Pythonu (př. BioPython)
- Formáty biologických dat a jejich čtení/zápis v Pythonu
- Analýza, filtrování a validace biologických dat pomocí Pythonu
- Návrh a implementace jednoduchých projektů (modules, packages)
- Použití knihoven pro vizualizaci dat v Pythonu (matplotlib, seaborn, atd.)
- Využití platform typu Jupyter Notebook, Galaxy.
- Návrh a prezentace bioinformatického projektu a diskuze nad dosaženými cíli.

Literatura**doporučená literatura**

Mastering Python for Bioinformatics: How to Write Flexible, Documented, Tested Python Code for Research Computing 1st Edition, ISBN: 9781098100889

McKinney, W. Python for data analysis : [agile tools for real world data]. 1st ed. Sebastopol, Calif.: O'Reilly, 2013. xiii, 452. ISBN 9781449319793

PřF:C2145 **Strukturální bioinformatika v praxi**

Předmět není v aktuálních obdobích! 3 kredity, ukončení k, garant předmětu doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Kurs je zaměřen na získání praktických znalostí v oblasti strukturální bioinformatiky.

Základní ideou předmětu je zaměřit se na jednotlivé kroky procesu analýzy biomolekulárních struktur, konkrétně: Vyhledání struktur v databázích, jejich zobrazení, validace, vyhledání biologicky důležitých fragmentů a jejich charakterizace. U každého kroku popsat jeho realizaci, ukázat vhodné softwarové nástroje a využít je na konkrétních příkladech. Na závěr kursu pak ukázat celý proces analýzy strukturálních dat na dvou biologicky významných příkladech.

Na konci tohoto kurzu bude student schopen:

Pracovat s databázemi strukturálních dat biomakromolekul.

Pracovat s metodami a softwarovými nástroji, určenými k analýze strukturálních dat.

Realizovat kompletní proces analýzy těchto dat.

Porozumět výstupům jednotlivých kroků analýzy a umět je interpretovat a diskutovat.

Výukové metody

přednášky s praktickými demonstracemi

Metody hodnocení

Písemný test

Výstupy z učení

Po skončení kurzu bude student schopen popsat metodiky pro realizaci jednotlivých kroků analýzy strukturálních dat biomakromolekul. Student bude rovněž schopen pracovat se softwarovými nástroji implementujícími jednotlivé metodiky. Student rovněž zvládne popsat a realizovat celé workflow pro analýzu uvedených dat.

Osnova

1) Biomakromolekulární fragmenty a motivy - příklady 2) Biomakromolekulární fragment a motivy - predikce 3) Strukturálně bioinformatické databáze obecného zaměření 4) Transfer biomakromolekulárních dat a jejich vizualizace 5) Validace biomakromolekulárních struktur - validační kritéria a validační reporty 6) Validace ligandů - validační kritéria a validační reporty 7) Detekce a extrakce fragmentů - vytváření dotazů a procházení databáze 8) Detekce tunelů a pórů - výběr startovacích bodů a vstupních vlastností, výpočet tunelů 9) Charakterizace pomocí parciálních atomových nábojů - empirické metodiky výpočtu parciálních atomových nábojů a mapování nábojů na struktury 10) Charakterizace tunelů - geometrické, fyzikálně-chemické a biochemické vlastnosti 11) Kompletní proces extrakce dat a jejich analýzy: Lektinový příklad (Validace, extrakce, porovnávání, výpočet nábojů) 12) Kompletní proces extrakce dat a jejich analýzy: Příklad cytochrome P450 (vyhledávání v databázích, detekce tunelů, charakterizace tunelů)

Literatura**doporučená literatura**

KOČA, Jaroslav, Radka SVOBODOVÁ VAŘEKOVÁ, Lukáš PRAVDA, Karel BERKA, Stanislav GEIDL, David SEHNAL a Michal OTYEPKA. *Structural Bioinformatics Tools for Drug Design: Extraction of Biologically Relevant Information from Structural Databases*. Online. 1. vyd. Cham: Springer International Publishing, 2016, 144 s. SpringerBriefs in Biochemistry and Molecular Biology. ISBN 978-3-319-47388-8. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-47388-8>. <http://link.springer.com/book/10.1007%2F978-3-319-47388-8>

PřF:C2150 **Zpracování informací a vizualizace v chemii a biochemii**

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení k, garant předmětu RNDr. Petr Kulhánek, Ph.D.

Vyučující

RNDr. Petr Kulhánek, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Kurs je určen všem, kteří chtějí získat základní přehled o vizualizacích v molekulovém modelování. Student je postupně seznamován s postupy získání dat o strukturách biomolekul z databáze, vizualizace chemických struktur a tvorbu grafických výstupů formou grafů a schémat.

Výukové metody

Praktická cvičení u počítače.

Metody hodnocení

Praktická znalost programů VMD a Triton. Prezentace obsahující kromě textu také grafy, video ukázky a obrázky.

Výstupy z učení

Po úspěšném ukončení kurzu bude student schopen: získat z databáze data o struktuře molekul; zobrazit struktury pomocí programů pro vizualizaci molekul; využít data o struktuře molekul pro řešení jednoduchých vědeckých problémů; vizualizovat chemická data formou jednoduchých grafů a schémat;

Osnova

1. Strukturální databáze biomolekul a jejich prohledávání. 2. Přehled programů pro vizualizaci molekul. 3. Vizualizace molekul pomocí programu VMD. 4. Tvorba animací a pokročilé funkce programu VMD. 5. Vizualizace molekul pomocí programu PyMol. 6. Program TRITON — možnosti vizualizace. 7. Program TRITON — aplikace v molekulovém modelování. 8. Vizualizace dat formou grafů — program xmgrace. 9. 2D a 3D molekulové editory — programy MarvinSketch a Avogadro. 10. Úpravy obrázků a tvorba schémat — programy GIMP a Inkscape. 11. Vizualizace molekul v ostatních programech — Chimera, WHAT IF. 12. Převod 2D zobrazení molekul do 3D - program Corina.

Literatura

Molecular modeling of proteins. Edited by Andreas Kukol. Totowa, N.J.: Humana Press, 2008, xi, 390. ISBN 9781588298645. <http://www.loc.gov/catdir/toc/fy0804/2007942569.html>

HÖLTJE, Hans-Dieter a Gerd FOLKERS. *Molecular modelling :basic principles and applications*. Edited by Thomas Beier - Wolfgang Sippl - Didier Rognan. Weinheim: VCH Verlagsgesellschaft, 1997, xii, 194 s. ISBN 3-527-29384-1.

Molecular modeling of nucleic acids. Edited by Neocles B. Leontis - John SantaLucia. Washington: American Chemical Society, 1998, x, 435 s. ISBN 0-8412-3541-4.

<http://www.ks.uiuc.edu/Research/vmd/>

PřF:C3180 Biochemie I - seminář

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení z, garant předmětu doc. Mgr. Zdeněk Farka, Ph.D.

Vyučující

Mgr. Kateřina Dadáková, Ph.D. (cvičící)
doc. Mgr. Zdeněk Farka, Ph.D. (cvičící)
Mgr. Marta Pelcová, Ph.D. (cvičící)
Mgr. Vojtěch Sedláček, Ph.D. (cvičící)

Cíle předmětu

Absolováním tohoto kurzu se studenti formou semináře detailně seznámí s nejdůležitějšími tématy probíranými v předmětu Biochemie I. Hlavním zaměřením kurzu budou struktura, vlastnosti a funkce základních složek živých systémů, základní termodynamické výpočty, enzymologie a hlavní metabolické dráhy a cykly.

Výukové metody

Seminář: Diskuse učitele se studenty nad probíranou problematikou, procvičování, výpočty.

Metody hodnocení

Účast ve výuce je povinná, tolerována je jedna absence, případně další absence musí být omloueny prostřednictvím studijního oddělení. Zápočet v řádném termínu se uděluje na základě úspěšnosti v průběžných testech (alespoň 70 % bodů za celý semestr). V případě omlouené absence v době testu jej bude možné nahradit v náhradním termínu na konci semestru. Opravné termíny zápočtu bodou mít formu testu z učiva celého předmětu (podmínka alespoň 70 % bodů) a budou vypsány na začátku zkuškového období.

Výstupy z učení

Na konci tohoto předmětu budou studenti rozumět nejdůležitějším tématům předmětu Biochemie I: budou znát strukturu, vlastnosti a funkci základních složek živých systémů (aminokyselin, bílkovin, sacharidů a lipidů), budou schopni provádět základní termodynamické výpočty a budou rozumět základům enzymologie, metabolismu sacharidů a lipidů, principům citrátového cyklu, respiračního řetězce a fotosyntézy.

Osnova

1. Úvod.
2. Aminokyseliny a peptidy.
3. Bílkoviny: struktura a funkce.
4. Bioinformatika.
5. Test 1.
6. Termodynamika enzymových reakcí.
7. Enzymy, enzymová kinetika.
8. Struktura sacharidů, lipidů a fosfolipidů.
9. Test 2.
10. Metabolismus sacharidů a lipidů.
11. Citrátový cyklus.
12. Respirační řetězec a fotosyntéza.
13. Test 3.

Literatura**povinná literatura**

MIKEŠ, Vladimír, Pavel BOUCHAL a Zdeněk FARKA. *Úlohy z biochemie*. 2. vydání. Brno: Masarykova univerzita, 2023, 62 s.

doporučená literatura

VOET, Donald, Judith G. VOET a Charlotte W. PRATT. *Fundamentals of biochemistry : life at the molecular level*. Fifth edition. Hoboken: Wiley, 2016, xviii, 109. ISBN 9781118918401.

PřF:C7170 Struktura a funkce buňky

Předmět není v aktuálních obdobích! 4 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Omar Šerý, Ph.D.

Vyučující

prof. RNDr. Omar Šerý, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Cyklus přednášek je úvodem do biologie. Hlavním cílem předmětu je seznámit studenty se základy biologie, především pak se základy cytologie, histologie a zoologie, tak aby studenti mohli bez obtíží navázat na studium biochemie.

Výukové metody

Výukové metody zahrnují přednášky a PowerPointovou prezentaci.

Metody hodnocení

Test

Výstupy z učení

Student získá přehled o biologii buňky, procesech probíhajících v buňce, chemickém složení v buňce, dělení buněk. Dále bude schopen popsat rostlinná pletiva, živočišné tkáně a jejich funkce.

Osnova

1. Chemické složení živých soustav Voda, prvky, anorganické látky, proteiny, lipidy, sacharidy 2. Buňka Buněčná teorie, prokaryotická a eukaryotická buňka, rostlinná a živočišná buňka, 3. Buněčné struktury a jejich funkce I buněčná stěna, cytoplazmatická membrána, membránový transport. 4. Buněčné struktury a jejich funkce II Endoplazmatické retikulum, Golgiho komplex, lysosomy, peroxisomy, vakuoly, mitochondrie, chloroplasty, cytoskelet, buněčné jádro 5. DNA, buněčný cyklus, mitóza a meióza, replikace, transkripce, translace, signálová transdukce, regulace exprese. 6. Viry - charakteristika a stavba. 7. Prvoci a houby - charakteristika a stavba. 8. Baktérie - metabolismus bakterií, charakteristika a stavba. 9. Rostliny - rostlinná pletiva, stavba rostlin, rostlinné orgány, molekulární systematika rostlin. 10. Živočišné tkáně - tkáň nervová, svalová, epitelové tkáně a vazivové tkáně.

Literatura**doporučená literatura**

Molecular cell biology. Edited by Harvey Lodish. 4th ed. New York: W.H. Freeman and Company, 1999, xxxvi, 108. ISBN 0-7167-3136-3.

ALBERTS, Bruce. *Základy buněčné biologie :úvod do molekulární biologie buňky*. 1. vyd. Ústí nad Labem: Espero, 1999, xxvi, 630. ISBN 80-902906-0-4.

PřF:C9088 RNAseq analýza

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D.

Vyučující

Charlotte Sonenson, Ph.D. (přednášející)
doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D. (přednášející)
Mgr. Eva Budinská, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Kurs je zaměřen na získání praktických znalostí v oblasti RNAseq analýzy.

Základní ideou předmětu je zaměřit se na jednotlivé kroky procesu RNAseq, u každého kroku popsat jeho realizaci, ukázat vhodné softwarové nástroje a využít je na konkrétních příkladech.

Na konci tohoto kurzu bude student schopen:

Pracovat s metodami a softwarovými nástroji, určenými k RNAseq analýze.

Realizovat kompletní proces RNAseq analýzy těchto dat.

Porozumět výstupům jednotlivých kroků analýzy a umět je interpretovat a diskutovat.

Výukové metody

přednášky s praktickými demonstracemi

Metody hodnocení

Písemný test

Výstupy z učení

Po skončení kurzu bude student schopen popsat metodiky pro realizaci jednotlivých kroků RNAseq analýzy. Student bude rovněž schopen pracovat se softwarovými nástroji implementujícími jednotlivé metodiky. Student také zvládne popsat a realizovat celé workflow pro RNAseq analýzu.

Osnova

V průběhu tohoto kurzu budou vysvětleny jednotlivé kroky RNAseq analýzy, konkrétně: kontrola kvality, alignment readů na referenční strukturu, kvantifikace exprese, diferenciální expresní analýza a downstream analýza. Budou diskutována obtížná místa, výhody a limity jednotlivých metodik. Jednotlivé kroky analýzy budou také prakticky prováděny studenty.

Literatura

HANÁKOVÁ, Barbora, Jan OPPELT a Eva BUDINSKÁ. Identification of subtype specific microbiome from tumour tissue RNAseq data in colorectal cancer. In *15th European Conference on Computational Biology*. 2016. <http://www.eccb2016.org/>

PřF:C9530 Strukturní biochemie

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. Mgr. Lukáš Žídek, Ph.D.

Vyučující

prof. Mgr. Lukáš Žídek, Ph.D. (přednášející)
doc. Mgr. Pavel Plevka, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem přednášky je poskytnout základní informace o určování struktury biomakromolekul (zejména proteinů a nukleových kyselin). Je koncipována jako obecný přehled určený studentům, kteří se nechtějí v tomto oboru specializovat, ale může posloužit i jako úvod k pokročilým kurzům strukturní analýzy.

Výukové metody

Základní principy jsou vysvětleny v přednáškách doplněných prezentací modelových příkladů a otevřených diskusí. Všechny přednášky jsou shrnuty a rozšířeny o další příklady v elektronické učebnici, poskytované studentům zdarma.

Metody hodnocení

"Ústní" zkouška se skládá ze dvou částí, praktických úkolů (řešených formou testu) a bezprostředně navazující ústní diskuse se zkoušejícím. Během řešení praktických úloh a přípravy na diskusí je povoleno používat přinesenou literaturu, poznámky, informace z internetu, je však vyžadováno samostatné řešení. K přípravě na praktickou část slouží cvičení C9531. Studenti, kteří úspěšně vyřeší vstupní test, budou pokračovat ústní zkouškou, na základě které budou hodnoceni známkou.

Výstupy z učení

Studenti, kteří úspěšně ukončí kurz, budou schopni

1. aplikovat metody prohledávání databází struktur,
2. analyzovat strukturní modely,
3. rozhodovat, která metoda určování struktury je vhodná pro daný případ,
4. pochopit základní principy určování struktur a analýzy výchozích dat.

Osnova

1-4. Pojem struktury makromolekul, základní strukturní motivy proteinů a nukleových kyselin, struktura sacharidů a membrán. 5. Výpočetní metody, molekulová mechanika a dynamika, simulované žíhání. 6. Příprava vzorku, sekvenace nukleových kyselin, proteinů a sacharidů. 7. Optické metody charakterizace biomakromolekul: cirkulární dichroismus, infračervená spektroskopie. 8-9. Rentgenová strukturní analýza. Příprava krystalů, difrakční experiment, metody řešení fázového problému, mapy elektronové hustoty, výstavba strukturního modelu. 10. Elektronová mikroskopie. 11-12. Nukleární magnetická rezonance. Izotopové značení, NMR experiment, přiřazení frekvencí ve spektrech, určení geometrie (NOE, interakční konstanty), dynamika proteinů.

Literatura

LESK, Arthur M. *Introduction to protein architecture : the structural biology of proteins*. Oxford: Oxford University Press, 2001, xii, 347. ISBN 0198504748.

FINKEL ŠTEJN, Aleksej Vital'jevič a Oleg Borisovič PTICYN. *Protein physics : a course of lectures*. Amsterdam: Academic Press, 2002, xix, 354. ISBN 0122567811.

DAUNE, Michel. *Molecular biophysics : structures in motion*. Oxford: Oxford University Press, 1999, xxii, 499. ISBN 0-19-857783-4.

MAREK, Jaromír a Z. TRÁVNÍČEK. *Monokrystalová rentgenová strukturní analýza*. první. Olomouc: Vydavatelství Univerzity Palackého, 2002, 169 s. nedělí se na edice. ISBN 80-244-0551-2.

RHODES, Gale. *Crystallography made crystal clear : a guide for users of macromolecular models*. 2nd ed. San Diego, Calif.: Academic Press, 2000, xix, 269. ISBN 0125870728.

CAVANAGH, John. *Protein NMR spectroscopy : principles and practice*. 2nd ed. Amsterdam: Elsevier, 2007, xxv, 885. ISBN 9780121644918.

ATTWOOD, Teresa K. a David J. PARRY-SMITH. *Introduction to bioinformatics*. 1st pub. Essex: Longman, 1999, xx, 218. ISBN 0582327881.

PřF:C9531 Strukturní biochemie - seminář

Předmět není v aktuálních obdobích! 2 kredity, ukončení z, garant předmětu prof. Mgr. Lukáš Žídek, Ph.D.

Vyučující

Mgr. Zuzana Trošanová, Ph.D. (cvičící)

Mgr. Kateřina Bendová, Ph.D. (cvičící)

prof. Mgr. Lukáš Žídek, Ph.D. (cvičící)

Cíle předmětu

Cílem cvičení je poskytnout možnost prakticky procvičit znalosti získané v přednášce C9530 (strukturní biochemie) a připravit studenty na zkoušku kurzu C9530.

Výukové metody

V průběhu semestru jsou zadávány praktické úkoly. Po detailní analýze vzorového řešení prokazují studenti schopnost samostatného řešení úkolů formou testů.

Metody hodnocení

K zápočtu je požadována úspěšnost alespoň 60 % v každém testu (neúspěšné testy je nutno opakovat). V případě neúčasti je nutno vyřešit test v náhradním termínu. Obsahem testů budou úlohy zadávané během zkoušky z předmětu C9530, úspěšné řešení testů bude u zkoušky z předmětu C9530 zohledněno.

Výstupy z učení

- Studenti navštěvující kurz budou schopni: -analyzovat molekulové struktury;
- řešit úkoly zadávané jako reálné příklady z laboratorní praxe;
- kombinovat výsledky různých druhů analýz pro získání komplexního řešení;

Osnova

1. Určení torzních úhlů, práce s modelem proteinů. 2. Práce s modelem nukleových kyselin, určení pseudorotace. 3. Sekvence nukleových kyselin, navrhování místně řízené mutagenese. 4. Sekvence peptidů hmotnostní spektrometrií. 5. Interpretace IR a CD spekter proteinů. 6. Rtg. difrakce - rozlišení, fázový problém a upřesňování. 7. Přiřazení NMR spekter sekvenci proteinu a nukleové kyseliny.

Literatura

LESK, Arthur M. *Introduction to protein architecture : the structural biology of proteins*. Oxford: Oxford University Press, 2001, xii, 347. ISBN 0198504748.

CAVANAGH, John. *Protein NMR spectroscopy : principles and practice*. 2nd ed. Amsterdam: Elsevier, 2007, xxv, 885. ISBN 9780121644918.

FI:IB000 Matematické základy informatiky

4 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Petr Hliněný, Ph.D.

Vyučující

- prof. RNDr. Petr Hliněný, Ph.D. (přednášející)
- Mgr. Tomáš Foltýnek, Ph.D. (cvičící)
- RNDr. Vít Musil, Ph.D. (cvičící)
- doc. RNDr. Petr Novotný, Ph.D. (cvičící)
- doc. Mgr. Jan Obdržálek, Ph.D. (cvičící)
- doc. RNDr. David Svoboda, Ph.D. (cvičící)

Cíle předmětu

V tomto předmětu se posluchači seznámí se základními matematickými konstrukcemi potřebnými pro studium informatiky. Vytváří se tím pojmový a formální základ pro řadu dalších předmětů, které patří k základní teoretické výbavě informatiků. Úspěšný absolvent kurzu bude: znát základní matematické pojmy; schopný porozumět logické struktuře matematické věty a matematického důkazu, speciálně matematické indukci; ovládat diskretní matematické struktury jako konečné množiny, relace, funkce a grafy, včetně jejich používání v informatice; umět přesně formulovat vlastní tvrzení či algoritmy a jejich důkazy; aplikovat získané formální nástroje v dalším studiu informatiky i následné praxi.

Výukové metody

Předmět má každý týden přednášky doplněné povinnými učebnovými cvičeními a navíc samostatná domácí procvičení a testy prostřednictvím online odpovědníků v IS MU. Veškeré výukové materiály a studijní agenda jsou soustředěny v předmětové osnově IS.

Metody hodnocení

Požadavkem k úspěšnému vykonání zkoušky je teoretické i praktické zvládnutí látky v rozsahu probraném na přednášce a obsaženém ve výukovém textu (osnově). Celkové hodnocení předmětu se skládá ze semestrálního hodnocení (požaduje se z něj minimální bodový zisk a odráží i účast na cvičeních), počítačové a následné volitelné písemné zkoušky.

Výsledek semestrálního hodnocení je dán součtem určeného počtu nejlepších z několika průběžných semestrálních testů a případného bonusu za řešení doplňkových dobrovolných úkolů, přesné podmínky viz IS osnova. Následuje "počítačová" písemná zkouška, jejíž výsledek v součtu se semestrálním hodnocením určí úspěch u zkoušky, a poté ještě nepovinná klasická písemná zkouška, jejímž výsledkem si studenti mohou vylepšit celkové hodnocení v případě úspěchu. Všechny tři části (semestrální, počítačová i písemná) mají téměř stejnou váhu ve výsledném hodnocení, přesné podmínky opět viz IS osnova.

Výstupy z učení

Po ukončení tohoto předmětu bude student schopen: porozumět logické struktuře matematické věty a matematického důkazu, ovládat a vysvětlit základní diskretní matematické struktury, umět přesně formulovat vlastní tvrzení či algoritmy a jejich důkazy.

Osnova

Úvod do matematických konstrukcí relevantních ke studiu algoritmů a ostatních informatických pojmů jako matematických objektů:

Základní formalismy - věta, důkaz a výroková logika.

Množiny, relace a funkce.

Důkazové techniky, matematická indukce.

Rekurze a strukturální indukce.

Binární relace, uzávěry, tranzitivita.

Ekvivalence a uspořádané množiny.

Skládání relací a funkcí.

Pojem grafu, isomorfismus, souvislost, stromy.

Grafová vzdálenost, kostry. Orientované grafy.

Důkazové postupy pro algoritmy.

Nekonečné množiny a zastavení algoritmu.

Literatura**doporučená literatura**

HLINĚNÝ, Petr. Úvod do informatiky. *Elportál*. Brno: Masarykova univerzita, 2010. ISSN 1802-128X. URL <http://is.muni.cz/elportal/?id=877387>

MATOUŠEK, Jiří a Jaroslav NEŠETŘIL. *Kapitoly z diskrétní matematiky*. 3., upr. a dopl. vyd. V Praze: Karolinum, 2007, 423 s. ISBN 9788024614113.

FI:IB031 Úvod do strojového učení

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. RNDr. Tomáš Brázdil, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. Tomáš Brázdil, Ph.D. (přednášející)

RNDr. Jaroslav Čechák, Ph.D. (cvičící)

Mgr. Tomáš Foltýnek, Ph.D. (cvičící)

doc. Mgr. Bc. Vít Nováček, PhD (cvičící)

Cíle předmětu

Student se bude po absolvování předmětu schopen samostatně orientovat v základních metodách a přístupech z oblasti strojového učení. Bude mít základní představu o fundamentálních teoretických modelech a jejich klíčových praktických aplikacích. Bude mít přehled o souvislostech strojového učení s dalšími oblastmi informatiky a matematiky, zejména s matematickou statistikou, logikou, umělou inteligencí a optimalizací. Bude umět implementovat aplikaci metod strojového učení.

Výukové metody

Přednášky + cvičení + projekt

Metody hodnocení

Semestrální zkouška, projekt, závěrečná zkouška.

Výstupy z učení

Student bude po absolvování předmětu

- schopen se samostatně orientovat v základních metodách a přístupech z oblasti strojového učení;
- bude mít základní představu o fundamentálních teoretických modelech a jejich klíčových praktických aplikacích;
- bude mít přehled o souvislostech strojového učení s dalšími oblastmi informatiky a matematiky, zejména s matematickou statistikou, logikou, umělou inteligencí a optimalizací;
- bude umět implementovat aplikaci metod strojového učení a ověřit její výsledky.

Osnova

Základy strojového učení: klasifikace a regrese, shluková analýza, učení s učitelem a bez učitele, ilustrační příklady

Rozhodovací stromy: učení rozhodovacích stromů, učení pravidel

Logika a strojové učení: specializace, generalizace, logický důsledek

Ověřování výsledku učení: učící a testovací množina, přeučení, křížová validace, matice záměn/zmatenosti, učící křivka, ROC křivka; sampling, normalizace

Pravděpodobnostní model: Bayesovo pravidlo, MAP, MLE, naivní Bayes; jemný úvod do Bayesovských sítí

Lineární regrese (klasifikace), metoda nejmenších čtverců, souvislost s MLE, regresní stromy

Kernelové metody: SVM, kernelová transformace, kernelový trik

Neuronové sítě: vícevrstvá síť, zpětná propagace, nelineární regrese, bias vs. variance, regularizace

Líné učení: metoda k nejbližším sousedů. Shluková analýza: metoda k-středů, hierarchické shlukování, EM

Praktické strojové učení. Předzpracování dat: výběr atributů, konstrukce nových atributů, metody vzorkování.

Ensemble methods. Bagging. Boosting. Nástroje pro strojové učení.

Ukázka pokročilejších metod strojového učení: Induktivní logické programování, hluboké učení.

Literatura**doporučená literatura**

MITCHELL, Tom M. *Machine learning*. Boston: McGraw-Hill, 1997, xv, 414. ISBN 0070428077.

neurčeno

GÉRON, Aurélien. *Hands-on machine learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow : concepts, tools, and techniques to build intelligent systems*. Second edition. Beijing: O'Reilly, 2019, xxv, 819. ISBN 9781492032649.

ROGERS, Simon a Mark GIROLAMI. *A first course in machine learning*. Boca Raton: CRC Press/Taylor & Francis Group, 2012, xx, 285. ISBN 9781439824146.

FLACH, Peter A. *Machine learning : the art and science of algorithms that make sense of data*. New York: Cambridge University Press, 2012, xvii, 396. ISBN 1107422221.

Pattern recognition and machine learning. Edited by Christopher M. Bishop. New York: Springer, 2006, xx, 738. ISBN 0387310738.

BERKA, Petr. *Dobývání znalostí z databází*. Vyd. 1. Praha: Academia, 2003, 366 s. ISBN 8020010629.

FI:IB114 Úvod do programování a algoritmizace II

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Ivana Černá, CSc.

Vyučující

prof. RNDr. Ivana Černá, CSc. (přednášející)
RNDr. Jaromír Plhák, Ph.D. (cvičící)

Cíle předmětu

Cílem kurzu je získat dovednosti v používání základních datových struktur a algoritmů a zároveň schopnost navrhovat a analyzovat jednoduché algoritmy. Současně studenti rozvíjejí své dovednosti v implementaci navržených algoritmů v konkrétním programovacím jazyce (Python).

Výukové metody

Kurs probíhá formou přednášek a cvičení k přednáškám.

Metody hodnocení

Závěrečná písemná zkouška na konci semestru. Podmínkou účasti na závěrečné zkoušce je splnění průběžného hodnocení z cvičení, které se skládá z pravidelných písemných testů. Podrobnosti jsou zveřejněny v Interaktivní osnově předmětu <https://is.muni.cz/auth/el/1433/jaro2021/IB114/index.qwarp>

Výstupy z učení

Student bude po absolvování předmětu schopen:

- aktivně používat základní algoritmy pro řazení a pro průzkum grafů,
- aktivně navrhovat jednoduché algoritmy,
- aktivně používat základní statické a dynamické datové struktury,
- pracovat s pojmy časové složitosti a korektnosti algoritmů,
- implementovat jednoduché algoritmy ve vyučovaném programovacím jazyce (Python).

Osnova

Základy analýzy algoritmů. Korektnost algoritmu, vstupní a výstupní podmínky, parciální korektnost, konvergence, verifikace. Délka výpočtu, složitost algoritmu, složitost problému. Asymptotická analýza časové a prostorové složitosti, růst funkcí.

Fundamentální datové struktury. Seznamy, fronty. Reprezentace množin, hašovací tabulky. Binární haldy. Binární vyhledávací stromy.

Řadící algoritmy. Řazení rozdělováním, slučováním, haldou.

Základní grafové algoritmy: Reprezentace grafů. Procházení grafu do hloubky a do šířky, aplikace prohledávacích algoritmů.

Literatura**doporučená literatura**

CORMEN, Thomas H. *Introduction to algorithms*. 3rd ed. Cambridge, Mass.: MIT Press, 2009, xix, 1292. ISBN 9780262533058. https://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=nlebk&AN=343613&site=ehost-live&ebv=EB&ppid=pp_cover

FI:IV109 Modelování a simulace

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Mgr. Radek Pelánek, Ph.D.

Vyučující

doc. Mgr. Radek Pelánek, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Předmět poskytuje široký přehled oblasti výpočetního modelování a poskytuje studentům praktickou zkušenost s výpočetním modelováním.

Výukové metody

přednášky s drobnými aktivitami, cvičení

Metody hodnocení

40 % projekt (modelování a simulace vybraného problému), 40 % závečná písemná zkouška, 20 % čtenářský deník

Výstupy z učení

Na konci kurzu budou studenti schopni: popsat klíčové pojmy z oblasti komplexních systémů (především pojem "zpětná vazba"); vysvětlit, k čemu mohou sloužit výpočetní modely; porovnat různé modelovací přístupy, jejich výhody a nevýhody; popsat klasické případové studie z oblasti modelování komplexních systémů; vytvořit vlastní výpočetní model a prezentovat ho.

Osnova

Úvod, historie, role modelování a simulace ve výzkumu, aplikace. Výpočetní modely, další typy modelů.

Komplexní systémy, systémové myšlení, zpětná vazba.

Matematické a systémové modelování, příklady (demografie, Meze růstu).

Buněčné automaty, modelování pomocí agentů, příklady modelů decentralizovaných systémů.

Základy teorie her, modelování spolupráce, Dilema vězně.

Modelování myšlení, učení, evoluce (neuronové sítě, produkční systémy, genetické algoritmy).

Modelování komplexních sítí a jejich společných vlastností, simulace procesů na sítích.

Metody analýzy a vyhodnocování modelů.

Případové studie z různých oblastí, např. biologie, epidemiologie, ekologie, počasí a klima, ekonomie, doprava, sociologie.

Literatura**doporučená literatura**

PELÁNEK, Radek. *Modelování a simulace komplexních systémů. Jak lépe porozumět světu*. 1. vyd. Brno: Masarykova univerzita, 2011, 236 s. mimo edice. ISBN 978-80-210-5318-2.

RESNICK, Mitchel. *Turtles, termites, and traffic jams : explorations in massively parallel microworlds*. Cambridge: Bradford Book, 2000, xviii, 163. ISBN 0-262-68093-9.

BARABÁSI, Albert-László. *Linked :how everything is connected to everything else and what it means for business, science, and everyday life*. New York: Plume Book, 2003, 294 s. ISBN 0-452-28439-2.

FI:IV114 Projekt z bioinformatiky a systémové biologie

2 kredity, ukončení k, garant předmětu doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D.

Vyučující

doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D. (přednášející)
Mgr. Marie Krátká (cvičící)

Cíle předmětu

V kurzu se student seznámí s nanopórovou sekvenací DNA, s příslušnými výpočetními nástroji; dokáže samostatně analyzovat molekulárně-biologická data; dokáže prezentovat své výsledky kolegům.

Výukové metody

studentské projekty, jejich prezentace a diskuze

Metody hodnocení

Student bude hodnocen na základě písemného návrhu a shrnutí projektu (1-2 strany A4) a závěrečné prezentace dle pravidel, které budou upřesněny na začátku semestru.

Výstupy z učení

V kurzu se student seznámí s příslušnými výpočetními nástroji; dokáže samostatně analyzovat molekulárně-biologická data; dokáže prezentovat své výsledky kolegům.

Osnova

Seznámení se sekvenováním DNA na přístroji minION

Příprava studentských projektů ve dvojicích (volba nebo výběr sekvenovaného materiálu; návrh bioinformatického zpracování dat ze sekvenátoru)

Realizace (sekvenování DNA a sběr dat; zpracování dat filtrací, mapováním a skládáním; vizualizace)

Minikonference a volitelná účast na psaní odborného článku (pokud to výsledky dovolí)

Literatura

ZVELEBIL, Marketa J. a Jeremy O. BAUM. *Understanding bioinformatics*. New York, N.Y.: Garland Science, 2008, xxiii, 772. ISBN 9780815340249.

FI:MA018 Numerical Methods

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu Mgr. Jiří Zelinka, Dr.

Vyučující

RNDr. Veronika Eclerová, Ph.D. (přednášející)
Mgr. Jakub Záhurecký, Ph.D. (cvičící)
Mgr. Jiří Zelinka, Dr. (cvičící)

Cíle předmětu

This course provides explanation of numerical mathematics as the separate scientific discipline. The emphasis is given to the algorithmization and computer implementation. Examples with graphical outputs help to explain even some difficult parts.

Výukové metody

Lectures: 2 hours weekly - theoretical preparation, 2 hours weekly - class exercise.

Practical exercise (2 hours) in a computer room is focused on solving of problems by methods presented in the lecture and algorithmization and programming of these numerical methods.

Metody hodnocení

Written exam and work during the semester - 30 points together (10 points - work during the semester, 20 points - exam).

Assessment of the course:

27 points and more - **A**

24 points and more - **B**

21 points and more - **C**

18 points and more - **D**

15 points and more - **E**

less than 15 points - **F**

During the exam students are allowed to use computers and any study materials. There is no required minimum for either part (exam, work during the semester). The only requirement is to get at least 15 points in total.

Výstupy z učení

At the end of course students should be able to apply numerical methods for solving practical problems and use these methods in other disciplines.

Osnova

1. Error analysis: absolute and relative error, representation of numbers, error propagation
2. Iterative methods for solving of nonlinear equations: general iterative method, order of the convergence, Newton method and its modifications
3. Direct methods for solving systems of linear equations: methods based on Gaussian elimination, methods for special matrices
4. Iterative methods for solving of systems of linear equations: general construction of iterative methods, Jacobi method, Gauss-Seidel method
5. Solving of systems of nonlinear equations: Newton method
6. Interpolation and approximation: polynomial and piece-wise polynomial interpolation, curve approximations, subdivision schemes, least squares method
7. Numerical differentiation: differentiation schemes
8. Numerical integration: methods based on interpolation, Monte Carlo integration

Literatura**doporučená literatura**

NOCEDAL, Jorge a Stephen J. WRIGHT. *Numerical optimization*. 2nd ed. New York: Springer, 2006, xxii, 664. ISBN 1493937111.

MATHEWS, John H. a Kurtis D. FINK. *Numerical methods using MATLAB*. 4th ed. Upper Saddle River, N.J.: Pearson, 2004, ix, 680. ISBN 0130652482.

BURDEN, Richard L. a J. Douglas FAIRES. *Numerical analysis*. 6th ed. Pacific Grove, Calif.: Brooks/Cole, 1997, xiii, 811. ISBN 0534955320.

STOER, J. a R. BULIRSCH. *Introduction to numerical analysis*. 1. vyd. New York - Heidelberg - Berlin: Springer-Verlag, 1980, 609 s. IX. ISBN 0-387-90420-4.

FI:PA039 Supercomputer Architecture and Intensive Computations

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Luděk Matyska, CSc.

Vyučující

prof. RNDr. Luděk Matyska, CSc. (přednášející)

Cíle předmětu

The main goal of this lecture is to provide information about architectures of high-performance computing systems and basic programming methods for vector and parallel computers. The first part focuses on the hardware, during the second part general optimization methods and programming methodology for parallel computers is discussed. The last part of the lecture is aimed at the programming of distributed systems.

Výukové metody

Standard lecture, no drills nor homework

Metody hodnocení

No continuous evaluation during the semester, Only final exam in a written form (9 questions/subjects explicitly answered or discussed, total 100 points).

Výstupy z učení

The graduate will be able to understand and explain properties of modern processors.

The graduate will be also able to analyze the program code and propose optimizations for a particular processor.

The graduate will be able to design and implement a simple parallel program to solve a particular problem.

The graduate will be able to design and realize benchmarks of computer systems or applications.

Osnova

High-performance vector and superscalar processors.

Uniprocessor computers, computers with a small number of processors, massively parallel computers; distributed systems.

Performance measurements, LINPACK test, TOP 500 list.

High-performance uniprocessor systems, programming languages, the methodology of efficient program writing, basis optimization methods for vector and superscalar computers.

Distributed systems, data and task decomposition, coarse grain parallelism, programming systems (PVM, LINDA,). Multiprocessor systems with shared memory, programming languages, decomposition of algorithms, basic optimization methods for a small number of processors.

Massively parallel systems, parallel algorithms, fine grain parallelism.

Shared, distributed, and distributed shared memory; other alternatives. Sdílená, distribuovaná a distribuovaná sdílená paměť.

Scalability of computers and tasks.

Literatura

PROTIC, Jelica, Milo TOMASEVIC a Veljko MILUTINOVIC. *Distributed shared memory*. Los Alamitos: IEEE Computer Society, 1998, x, 365 s. ISBN 0-8186-7737-6.

FOSDICK, Lloyd D. *An introduction to high-performance scientific computing*. Cambridge: MIT Press, 1996, ix, 760. ISBN 0262061813.

WOLFE, Michael Joseph. *High performance compilers for parallel computing*. Redwood City: Addison-Wesley Publishing Company, 1996, xiii, 570. ISBN 0-8053-2730-4.

WILSON, Greg. *Practical parallel programming*. Cambridge: MIT Press, 1995, viii, 564. ISBN 0262231867.

DOWD, Kevin. *High performance computing*. Sebastopol: O'Reilly & Associates, 1993, xxv, 371 s. ISBN 1-56592-032-5.

FI:PB016 Úvod do umělé inteligence

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. RNDr. Aleš Horák, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. Aleš Horák, Ph.D. (přednášející)
doc. RNDr. Lubomír Popelínský, Ph.D. (přednášející)
doc. Mgr. Bc. Vít Nováček, PhD (cvičící)
Adam Džadoň (cvičící)
Filip Gregora (cvičící)
Bc. Kristína Hanicová (cvičící)
Bc. Ondřej Huvar (cvičící)
Mgr. Daniel Ilkovič (cvičící)
Michal Jakubík (cvičící)
Bc. Ondřej Metelka (cvičící)
Bc. Terézia Mikulová (cvičící)
Bc. Matěj Pavlík (cvičící)
Mgr. Bc. Roman Solař (cvičící)
Mgr. et Mgr. Matúš Šikyňa (cvičící)

Cíle předmětu

Probírá se úvod do problematiky řešení úloh z oblasti umělé inteligence. Hlavním cílem kurzu je získat znalosti o základních algoritmech používaných v UI.

Výukové metody

Přednáška a cvičení.

Metody hodnocení

Součástí hodnocení jsou testy na cvičení, průběžný test v polovině semestru a závěrečná písemná zkouška.

Výstupy z učení

Student bude po absolvování předmětu schopen:

- identifikovat a shrnout úkoly spadající do oblasti umělé inteligence;
- porovnat a popsat základní algoritmy prohledávání stavového prostoru;
- porovnat a popsat hlavní aspekty logických systémů;
- orientovat se v různých přístupech ke strojovému učení;
- porovnat a popsat různé způsoby reprezentace a vyvozování znalostí;
- uvést základní přístupy k počítačovému zpracování přirozených jazyků.

Osnova

Vymezení umělé inteligence, Turingův test, řešení problémů.
Prohledávání stavového prostoru.
Dekompozice problému, AND/OR grafy, problémy s omezujícími podmínkami.
Hry a základní herní strategie.
Logický agent. Výroková logika. Splnitelnost.
Pravdivost, dokazatelnost. Důkazové metody a systémy. Axiomatické systémy.
Predikátová logika prvního řádu, intenzionální logika.
Rezoluční metoda ve výrokové a predikátové logice. Úvod do logického programování
Modální logiky. Vícehodnotové logiky.
Reprezentace a vyvozování znalostí, odvozování s neurčitostí.
Učení, rozhodovací stromy, neuronové sítě.
Zpracování přirozeného jazyka.

Literatura

Stuart Russel & Peter Norvig: *Artificial intelligence : a modern approach*, 4th ed., Pearson, 2020

Sylaby přednášek.

FI:PB029 Elektronická příprava dokumentů

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. RNDr. Petr Sojka, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. Petr Sojka, Ph.D. (přednášející)
RNDr. Vít Starý Novotný, Ph.D. (přednášející)
RNDr. Michal Růžička, Ph.D. (cvičící)
Mgr. Tereza Vrabcová (cvičící)
Mgr. et Mgr. Marie Stará (cvičící)

Cíle předmětu

Cílem předmětu je podat základy digitální typografie a přípravy dokumentů elektronickými cestami. Posлуhač se dozví principy přípravy jak tištěných dokumentů, zejména technických, tak základy publikování na webu. Ideální pro přípravu na psaní závěrečné práce v oblasti STEM (v TeXu).

Výukové metody

Dvouhodinová 'přednáška' týdně bude typicky a) seznamovat s fundamentálními principy elektronické přípravy dokumentů a veměs i b) demonstrační formou ukazovat postupy (demopřednáška) pro praktickou práci na cvičeních. Jednohodinová cvičení jsou věnovaná praktické práci a seznámení se software z oblasti DTP, zejména open source, související se zpracováním XML a TeXem.

Metody hodnocení

Metody hodnocení jsou zveřejněny na <https://www.fi.muni.cz/lemma/PB029/practices/organizacni-pokyny/#metody-hodnoceni>.

Výstupy z učení

Po absolvování tohoto kursu bude student schopen aplikovat základní principy, algoritmy a techniky (týmové) tvorby dokumentů a využít je při svém studiu či publikační činnosti (psaní závěrečné práce, dokumentace programu, webové prezentace či publikování kvalitních výstupů z databáze, příprava prezentačních materiálů) a prakticky je uplatnit v sázecím systému a příbuzných programech.

Student bude schopen se orientovat a pracovat se softwarovými balíky používanými při vývojovém cyklu a vytváření elektronických dokumentů výše uvedeného zaměření.

Osnova

Od autora ke čtenáři: cyklus přípravy a ladění dokumentů, analogie s vývojem programů.

Značkování. Logická vs. vizuální struktura dokumentu. Značkovací jazyky, LaTeX, XML, (SGML), HTML, HTML5. Gramatiky dokumentů, DTD, XML Schema. Validace dokumentů.

Design. Principy knižního designu. Specifika webového designu. CSS, XSL(T). Webové technologie publikování a týmový vývoj dokumentů.

Sazba. Základy typografie, základní typografické pojmy, míry, terminologie.

Písma, typy formáty písem, způsoby reprezentace a designu písem. Rastrovací algoritmy, techniky redukce tvaru písem.

Pravidla sazby. Mikrotypografie. Specifika sazby českých textů. Korektura, značky.

Sázecí systémy. jako příklad dávkového sázecího systému. WYSIWYG a webové systémy.

. Historie. Princip makrojazyka. Algoritmy řádkového a stránkového zlomu použité v u. *hz*-systém. Algoritmus dělení slov,

Předtisková příprava. Jazyky pro popis stránek. Post-script. Bézierovy křivky. SPDL. Direct Imaging. Montáž.

Tisk a distribuce. Výstupní zařízení. Osvět, tisk, tisk a vazba. Portable Document Format, Adobe Acrobat.

Grafika a vědecká vizualizace: příprava rastrové a vektorové grafiky pomocí programů GIMP, Inkscape a Scribus, příprava diagramů makrobalíkem PGF-TikZ, literární programování a vědecká vizualizace pomocí softwarových balíčků Knitr a Jupyter.

Databázové publikování, příprava konzistentních prezentací (beamer), ebook z u. Sdílený vývoj dokumentů pomocí Gitu, verzování.

3D tisk: vstupní a výstupní formáty souborů, technologie tisku, 3D modelování, slicing před tiskem, běžně používané tiskařské materiály, dostupné kurzy a zařízení na MU

Literatura**povinná literatura**

BERAN, Vladimír. *Aktualizovaný typografický manuál*. 2. oprav. vyd. Praha: Kafka design, 2000, 1 sv.

RYBIČKA, Jiří. *LATEX pro začátečníky*. 3. vyd. Brno: Konvoj, 2003, 238 s. ISBN 80-7302-049-1.

doporučená literatura

BRINGHURST, Robert. *The elements of typographic style*. Vancouver: Hartley & Marks, 1992, 254 s. ISBN 0-88179-033-8.

neurčeno

KNUTH, Donald Ervin. *Digital typography*. Stanford: Center for the Study of Language and Information, 1999, xv, 685 s. ISBN 1-57586-010-4.

Airi Salminen, Frank Tompa. *Communicating with XML*, 2011. 226 s. ISBN 978-1461409915. <http://link.springer.com/book/10.1007/978-1-4614-0992-2>

Mark Pilgrim: *Ponořme se do HTML5*. <http://www.root.cz/knihy/ponorme-se-do-html5/>

FI:PB112 Základy objektově orientovaného programování v jazyce Java

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. RNDr. Radek Ošlejšek, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. Radek Ošlejšek, Ph.D. (přednášející)
prof. RNDr. Tomáš Pitner, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem předmětu je vybudovat znalosti základních principů tvorby objektově orientovaných programů, které odpovídají soudobým trendům. Principy jsou ilustrovány v jazyce Java se zaměřením na praktickou aplikovatelnost i mimo doménu informatiky.

Výukové metody

přednášky s živou ilustrací postupů programování, cvičení s průběžnou prací na semestrálním projektu a zpětnou vazbou, domácí příprava

Metody hodnocení

V průběhu semestru studenti na cvičeních postupně řeší bodovaný projekt. Hodnotí se splnění zadání, funkčnost řešení a kvalita dokumentace. Dále jsou v průběhu semestru dvě praktické písemky založené na programování přímo u počítače. Praktickou formou u počítače je vedena i závěrečná zkouška, která je komplexnější než předchozí dvě.

Výstupy z učení

V průběhu kurzu student:

- získá základní znalosti moderního objektového programování v jazyce Java;
- dokáže na základě zadaných požadavků s využitím soudobých vývojových nástrojů sestavit aplikaci menšího rozsahu v jazyce Java;
- dokáže využít při programování hotové knihovny určené pro řešení problémů v jeho/její odborné doméně;
- dokáže přečíst a upravit cizí programový kód menšího až středního rozsahu;

Osnova

Úvod do jazyka Java, základní vývojové nástroje, zdrojový kód, překlad, spuštění.

Základní pojmy objektového programování, spolupráce mezi objekty.

Rozhraní a jeho implementace třídou.

Testování jednotek javových programů.

Dědičnost, architektura programu.

Primitivní a objektové datové typy a datové struktury, pole.

Práce s výjimkami, ošetření nestandardních situací za běhu programu.

Vstupy a výstupy.

Použití Javy v aplikačních doménách - informační systémy, zpracování dat, vědecké výpočty, modelování.

Literatura

PECINOVSÝ, Rudolf. *Java 14 : kompletní příručka jazyka*. První vydání. Praha: Grada Publishing, 2020, 576 stran. ISBN 9788027113699. <https://www.bookport.cz/kniha/java-14-7257>

FI:PB138 Základy webového vývoje a značkovacích jazyků

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu prof. RNDr. Tomáš Pitner, Ph.D.

Vyučující

prof. RNDr. Tomáš Pitner, Ph.D. (přednášející)
Mgr. Luděk Bártek, Ph.D. (přednášející)
Filip Kaštovský (přednášející)
Bc. Daniel Plakinger (přednášející)
Bc. Tomáš Sedláček (přednášející)
Bc. Petr Wehrenberg (přednášející)

Cíle předmětu

Předmět seznamuje se základními standardy a principy práce s technologiemi moderních značkovacích jazyků především na bázi XML, HTML a YAML. Také se seznámí s reprezentací dat ve formátu JSON. Po úspěšném zvládnutí předmětu bude student tvořit moderní aplikace psané v TypeScriptu využívající React a moderní značkovací jazyky, které získávají data z backendu pomocí RESTových rozhraní nebo dotazovacího jazyka GraphQL.

Výukové metody

Výuka probíhá formou přednášek, cvičení a samostatné hodnocené práce na iteracích a týmovém projektu. Přednáška teoreticky objasňuje pojmy a principy z oblasti značkovacích jazyků a moderního webového vývoje. Cvičení v počítačových učebnách demonstrovují vhodné postupy a nástroje pro vývoj aplikací, řeší demonstrační úlohy podobné iteracím a slouží ke konzultacím probírané látky, zadání a týmových projektů.

Metody hodnocení

Hodnocení předmětu je založeno na průběžném bodování pěti iterací (max. 40 bodů celkově, minimálně je nutno získat 20), týmového projektu, kde je bodována průběžná práce i závěrečný výsledek obhajoby (max. 40 bodů) a teoretická závěrečná zkouška, organizovaná jako odpovědník v ISu (max. 20 bodů). Z celkových 100 bodů je pro úspěšné hodnocení předmětu zkouškou třeba získat alespoň 70 bodů, pro ukončení zápočtem 60 bodů. Studenti, kteří ukončují předmět zápočtem, se taktéž mohou zapsat na zkušební termín, pokud nemají dostatek bodů z iterací a týmového projektu.

Výstupy z učení

Student bude po absolvování předmětu schopen:
 vysvětlit výhody, nevýhody a účel značkových dat a dokumentů
 aktivně použít terminologii značkových jazyků
 zvolit vhodný značkovací jazyk pro danou aplikaci
 aktivně využívat jazyka XML
 popsat charakteristiky internetových technologií, jako je HTML 5, JavaScript, React, JSON, GraphQL a další
 moderní webové standardy a umět je použít v reálné aplikaci
 popsat princip Single Page aplikací

Osnova

Struktura a terminologie značkových dokumentů. XML: standardy základní rodiny XML, analýzy a zpracování XML dat.
 Objektový model dokumentu, událostmi řízené zpracování. Navigace a dotazování v XML datech. XPath, XML Transformace.
 HTML dokumenty, standard HTML 5 a moderní webové stránky.
 CSS styly: aplikování stylů, rozložení a responzivní design webových stránek.
 Základy moderních JavaScriptových a TypeScriptových aplikací, ekosystém Node.js, řízení závislostí pomocí NPM.
 JSON: syntaxe, datové typy, pole a objekty. Práce s databází v TypeScriptu, principy a implementace rozhraní REST v TypeScriptu.
 GraphQL: schémata, dotazy, mutace, typy, validace.
 React: jazyk JSX/TSX, definice komponent a jejich kompozice, životní cyklus komponent, stav aplikace, práce se seznamy.
 React: zpracování formulářů, získávání dat z RESTových rozhraní.
 React: směrování, knihovna react-query a mutace dat.
 React: globální stav aplikace, komplexní správa stavů v aplikaci.
 YAML: syntaxe a aplikace. Docker: kontejnerizace a nasazení aplikací.

Literatura

Žádné informace.

FI:PB153 Operační systémy a jejich rozhraní

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu RNDr. Jaroslav Ráček, Ph.D.

Vyučující

RNDr. Jaroslav Ráček, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Kurz uceleně představuje základní architektury operačních systémů a způsoby využití služeb na jejich rozhraní.

Výukové metody

přednáška

Metody hodnocení

Písemná zkouška (scanovaná ISem), třeba získat alespoň 50 % bodů.

Výstupy z učení

Na konci kurzu bude student schopen porozumět a vysvětlit základy architektury operačních systémů, správy procesů, správy paměti, ovládání vstupů a výstupů, souborových systémů. Na základě nabytých znalostí bude schopen využívat služeb rozhraní základních typů OS - Unix, Linux, Windows.

Osnova

Architektury operačních systémů, jádro, rozhraní, služby
 Správa procesů, procesy, vlákna, plánování CPU, synchronizace procesů
 Správa paměti
 Ovládání vstupů a výstupů, Souborové systémy
 Přehled principů využívání služeb rozhraní základních typů OS - Unix, Linux, Windows.

Literatura**doporučená literatura**

SILBERSCHATZ, Abraham, Peter B. GALVIN a Greg GAGNE. *Operating system concepts with Java*. 7th ed. Hoboken, N.J.: John Wiley & Sons, 2007, xxiv, 966. ISBN 9780471769071.

SILBERSCHATZ, Abraham, Peter B. GALVIN a Greg GAGNE. *Applied operating system concepts*. 1st ed. New York: John Wiley & Sons, 2000, xviii, 840. ISBN 0471365084.

STALLINGS, William. *Operating systems :internals and design principles*. 4th ed. Upper Saddle River: Prentice-Hall, 2001, xviii, 779. ISBN 0-13-031999-6.

FI:PB176 Základy kvality a správy kódu

3 kredity, ukončení k, garant předmětu RNDr. Lukáš Ručka

Vyučující

RNDr. Lukáš Ručka (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem tohoto předmětu je naučit studenty verzovat kód s důrazem na vhodné užívání (tedy zejména drobné izolované změny, konzistentní používání historie), seznámit s výhodami a principy build systémů, průběžnou integrací a distribucí. Vtisknout důležitost konzistence a vhodného stylu psaní kódu, roli vhodných jmen. Vštěpit nutnost testování jako klíčového prvku kontroly kvality kódu, ve spojení s chybovými hlášeními.

Výukové metody

Výuka probíhá formou teoretických přednášek, doplněných o semiautomatizované elearningové laboratoře. V závěru semestru pak zvané přednášky pokrývající příklady zajišťování kvality ve firemní praxi.

Metody hodnocení

Pro připuštění ke kolokviu musí student splnit alespoň 75% elearningových laboratorních bloků, odrážejících jednotlivá témata. Ve 2/3 semestru je pak umístěna práce na týmovém projektu, organizován formou celonoční hry s cílem navodit stresující situaci před deadline velkého projektu, které se student musí zúčastnit a přispět k fungování týmu v souladu s pravidly hry. Tato zkušenost je závěrem reflektována při kolokviu.

Výstupy z učení

Po absolvování tohoto kurzu bude student: · Ovládat práci s verzovacím systémem GIT, včetně zásad vhodného užívání. · Zvládat základy a práci s build systémy větších projektů, včetně technologií CI. · Umět podat (kvalifikované) hlášení o chybě v software, včetně podrobné specifikace problému. · Navrhovat testy a testovací sady pro ověření fungování implementace.

Osnova

Verzovací systém GIT, koncepty commitů, větví, merge. Princip decentralizovaných repozitářů. · Build systémy, různost (a různorodost) platformem. · Testování, unit testy, reportování chyb, integrační testování a princip a praxe CI. · Kultura a styl kódu, dokumentace. · Distribuce software, kontejnerizace.

Literatura

Linux kernel coding style —The Linux Kernel documentation, 2016, The kernel development community. [online] <https://www.kernel.org/doc/html/latest/process/coding-style.html>

FEATHERS, Michael C. *Working effectively with legacy code*. Upper Saddle River, NJ: Prentice Hall, 2005. ISBN 0-13-117705-2.

FI:PV003 Architektura relačních databázových systémů

3 kredity, ukončení zk, garant předmětu RNDr. Michal Batko, Ph.D.

Vyučující

RNDr. Milan Drášil, CSc. (přednášející)
RNDr. Michal Batko, Ph.D. (cvičící)

Cíle předmětu

Kurz je zaměřen na architekturu relačních databází a dotazovací jazyk SQL.

Výukové metody

Přednášky, cvičení, vypracování příkladu

Metody hodnocení

Účast na cvičení není povinná. Pro získání zápočtu je třeba vytvořit a prezentovat jednoduchý projekt. Během přednášky bude zadán netriviální příklad v PL/SQL. Jeho vypracování není povinné, výsledek je však započítán do celkového hodnocení. Kurz je zakončen písemnou zkouškou.

Výstupy z učení

Student bude schopen plnohodnotně používat dotazovací jazyk SQL.

Osnova

Kurz je zaměřen na architekturu relačních databází a dotazovací jazyk SQL.

Krátký úvod do historie relačních databází, nezávislý datový sklad, jeho výhody a nevýhody.

Relační algebra, definice relační databáze, požadavky na komunikační jazyk.

Části jazyka SQL (definice, manipulace, transakce), lexikální konvence.

DDL, jazyk definice datového schématu, vytváření relací/tabulek, modifikace struktury tabulek, definice sekvencí, rušení objektů datového schématu.

Integritní omezení a jejich definice v SQL.

Efektivní přístup k řádkům, standardní indexy.

DML, jazyk manipulace s daty, vkládání řádků, odebírání řádků, modifikace hodnot, cizí klíče

Spojování (join) tabulek, OUTER JOIN, techniky zpracování při spojování tabulek

Konstrukce WHERE klausule, agregační funkce, hierarchické dotazy

Množinové operace.

Objekty VIEW a MATERIALIZED VIEW.

Objektově relační databáze, metody, abstraktní typy, dědičnost.

XML rozhraní.

Exekuční plán, optimalizace příkazů, HINT fráze.

Jazyk řízení transakcí, úrovně izolace transakcí, souvislosti se SELECT příkazem, deadlock a jeho detekce.

Procedurální jazyky relačních databází, procedury a funkce, deterministické funkce, trigger.

Normální formy a datová schémata v relačních databázích.

Literatura

Definition of SQL, technical manuals

FI:PV004 UNIX

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu doc. Ing. Michal Brandejs, CSc.

Vyučující

doc. Ing. Michal Brandejs, CSc. (přednášející)

Cíle předmětu

V kursu se studenti obeznámí se základními principy operačního systému UNIX. Na konci kurzu by studenti měli znát Shell a měli být schopni programovat shellové skripty.

Výukové metody

Předmět se skládá z nepovinných přednášek a průběžného testování formou e-learningu. Důraz je kladen na vlastní samostatnou a průběžnou práci u počítače během semestru.

Metody hodnocení

Student musí splnit týdenní průběžné úkoly. Neplnění úkolů znamená udělení hodnocení X. Zkouška bude provedena formou samostatného řešení úkolu a odvedená práce bude ohodnocena známkou A-E.

Výstupy z učení

Na konci tohoto kurzu bude student chápat principy operačního systému UNIX, bude schopen na běžné uživatelské úrovni ovládat řádkový interface unixového shellu, programovat jednoduché shellové skripty a zvládat manipulaci s textovými soubory včetně pochopení použití regulárních výrazů.

Osnova

Úvod: historie, rysy systému, přístup k systému.

Struktura systému: systémy souborů, procesy.

Přístupová práva: architektura, modifikace, zjišťování.

Uživatelské rozhraní: shell, programování v shellu.

Zpracování textu: regulární výrazy, editory, příkazy pro práci s textem.

Příkazy pro nastavení pracovního prostředí.

Práce s adresářovým stromem.

Komunikace mezi uživateli, stav systému.

Literatura

Žádné informace.

FI:PV005 Služby počítačových sítí

2 kredity, ukončení z, garant předmětu doc. Ing. Michal Brandejs, CSc.

Vyučující

doc. Ing. Michal Brandejs, CSc. (přednášející)

RNDr. Jan Kasprzak, Ph.D. (přednášející)

Mgr. Roman Lacko (přednášející)

Cíle předmětu

Kurs poskytuje úvod do problematiky počítačových sítí jak po stránce technické, tak i po stránce protokolové. Studenti se také obeznámí se základními poskytovanými službami.

Výukové metody

Výuka předmětu sestává z nepovinných seminářů vedených formou přednášek.

Metody hodnocení

Každý seminář je zakončen povinným elektronicky skládaným testem, který musí student absolvovat v IS MU během tří týdnů. Úspěšné složení testů je podmínkou pro absolvování předmětu. Organizační pokyny jsou popsány ve Studijních materiálech předmětu.

Výstupy z učení

Na konci tohoto kurzu bude student schopen se orientovat v technologiích dostupných studentům na Fakultě informatiky, bude chápat základní principy počítačových sítí a základních síťových služeb.

Osnova

Sítě TCP/IP: architektura, adresace, směrování, BIND.

Síťové služby v rámci TCP/IP: telnet/rlogin, ftp/rcp.

Elektronická pošta: RFC 822, MIME, architektura uvnitř systému.

WWW: URL, httpd, klienti.

WWW server. http protokol.

Bezpečná komunikace: ssh, SSL, https apod.

Úvod do HTML.

Média lokálních počítačových sítí.

Literatura

BRANDEJS, Michal. *Služby počítačových sítí*. 2008. <http://www.fi.muni.cz/usr/brandejs/PV005/>

FI:PV119 Základy práva pro informatiky

2 kredity, ukončení zk, garant předmětu Mgr. et Mgr. Denisa Šmídová

Vyučující

Mgr. et Mgr. Denisa Šmídová (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem předmětu je seznámit posluchače s podstatou práva jako nástroje společenské regulace a základy jednotlivých právních disciplín s zaměřením na získání základní praktické orientace v nich s návazností na informatiku.

Výukové metody

přednáška

Metody hodnocení

písemná zkouška

Výstupy z učení

Student získá základní praktickou orientaci v právu v souvislosti s informatikou.

Osnova

Podstata práva jako nástroje společenské regulace.

Základní pojmy z právní teorie.

Otázky legislativní pravomoci a působnosti. Přehled jednotlivých právních disciplín zaměřený na získání základní praktické orientace s návazností na informatiku: -- občanské právo -- obchodní právo -- pracovní právo -- rodinné právo -- právo duševního vlastnictví -- ústavní právo -- správní právo -- trestní právo -- právo životního prostředí.

Literatura

JANKŮ, Martin. *Základy práva pro posluchače neprávnických fakult. 7.*, přepracované a doplně. V Praze: C.H. Beck, 2022, xliv, 731. ISBN 9788074008757.

MORAVEC, Tomáš. *Základy práva pro neprávnické : po rekonstrukci soukromého práva.* 5. aktualizované vydání. Plzeň: Vydavatelství a nakladatelství Aleš Čeněk, 2020, 294 stran. ISBN 9788073808266.

FI:PV225 Laboratoř systémové biologie

3 kredity, ukončení k, garant předmětu doc. RNDr. David Šafránek, Ph.D.

Vyučující

doc. Mgr. Pavel Dvořák, Ph.D. (přednášející)

doc. RNDr. David Šafránek, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Po absolvování kurzu studenti získají následující dovednosti:

základní znalosti o fungování experimentální biologické laboratoře, přehled o základních aspektech metabolismu bakterií; přehled experimentálních měřících technik; praktické schopnosti měření a zpracování naměřených dat vzhledem k využití k identifikaci parametrů ve výpočetních modelech.

Výukové metody

Metabolomika: blok zahrnující teoretickou přednášku a sérii exkurzí do laboratoří zabývajících se výzkumem v oblasti metabolomiky mikrobiálních organismů.

Rekonstrukce a analýza modelů: blok zahrnující teoretickou přednášku doplněnou o praktická cvičení (hands-on), exkurze do laboratoří zabývajících se modelováním metabolických procesů a procesů genové regulace.

Metody hodnocení

Studentský projekt, závěrečná zpráva o provedené analýze.

Výstupy z učení

Po absolvování kurzu studenti získají následující dovednosti:

- mít přehled o základních laboratorních technikách z oblasti metabolomiky mikrobiálních organismů;
- interpretovat základní aspekty metabolismu mikrobiálních organismů;
- řešit problém identifikace parametrů výpočetního modelu z experimentálních dat;
- zpracovat sadu experimentálních dat pro použití k identifikaci parametrů výpočetního modelu.

Osnova

Předmět je veden formou tematických bloků, jejichž součástí je návštěva vybraných experimentálních laboratoří a seznámení s praktickými problémy.

I Metabolomika

I.1 Metabolomika (Úvod; Metabolity; Fingerprinting a footprinting metabolitů; Profilování metabolitů; Cílená analýza metabolitů)

I.2 Role metabolomiky v systémové biologii

I.3 Příprava vzorku pro metabolomické studie (Odběry vzorku; Zastavení metabolismu)

I.4 Metody používané v metabolomice (Nukleární magnetická rezonance (NMR); Hmotnostní spektrometrie (MS); Kapalinová chromatografie (LC); Plynová chromatografie (GC); Kapilární elektroforéza (CE))

I.5 Analýza dat

II Rekonstrukce a analýza modelů

II.1 Význam výpočetních modelů v systémové biologii, modely kinetiky metabolismu

II.2 Problém rekonstrukce modelu z dat

II.3 Srovnání modelu vůči experimentálně naměřeným datům, validace modelu

Literatura

Metabolomics : a powerful tool in systems biology. Edited by Jens Nielsen - Michael C. Jewett. Berlin: Springer, 2007, xv, 284. ISBN 9783540747185.

Metabolome analyses : strategies for systems biology. Edited by Seetharaman Vaidyanathan - George G. Harrigan - Royston Goodacre. New York: Springer, 2005, xix, 390. ISBN 0387252398.

Metabolomics : the frontier of systems biology. Edited by Masaru Tomita - Takaaki Nishioka. Tokyo: Springer, 2005, viii, 256. ISBN 4431251219.

FI:SBAPR Bakalářská práce

10 kreditů, ukončení z, garant předmětu doc. RNDr. David Svoboda, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. David Svoboda, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Předmět je koncipován jako kurz motivující studenta k napsání závěrečné práce splňující veškeré požadavky na ni kladené. Absolvování tohoto kurzu zajistí, že student odevzdá práci odsouhlasenou vedoucím. Student by tak měl být připraven k úspěšné obhajobě práce a seznámen s požadavky, které na něj budou kladeny státní komisí při obhajobě.

Výukové metody

Studium odborné literatury, konzultace s vedoucím práce.

Metody hodnocení

Zápočet je udělený v zapsaném semestru při splnění povinností spojených s realizací bakalářské práce se zapsaným počtem kreditů.

Výstupy z učení

Student vyhotoví bakalářskou práci a bude připraven na její obhajobu.

Osnova

Po výběru tématu se student seznamuje s problematikou a řeší zadané téma podle pokynů vedoucího práce. Student píše text práce a připravuje obhajobu. Více na <https://www.fi.muni.cz/studies/bachelor-diploma-theses.html>

Literatura

ECO, Umberto a Ivan SEIDL. *Jak napsat diplomovou práci.* Olomouc: Votobia, 1997, 271 s. ISBN 80-7198-173-7.

FI:SBPrip Opakování před SBZZ

1 kredit, ukončení z, garant předmětu prof. RNDr. Jiří Barnat, Ph.D.

Vyučující

prof. RNDr. Jiří Barnat, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Cílem předmětu je donutit studenty včas začít s přípravou na státní závěrečnou zkoušku. Druhotným cílem předmětu je vytvořit u studenta nadhled nad studovanou látkou a umožnit mu vidět vzájemné souvislosti mezi předměty.

Výukové metody

E-learning.

Metody hodnocení

E-tests.

Výstupy z učení

Po absolvování kurzu bude mít student přehled o tom, z čeho bude zkoušen u státní závěrečné zkoušky.

Osnova

Průběžné vyplňování dotazníků v ISu.

Literatura

Žádné informace.

FI:SOBHA Obhajoba závěrečné práce

0 kreditů, ukončení SZK, garant předmětu doc. RNDr. David Svoboda, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. David Svoboda, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Student prokáže schopnost veřejně a strukturovaně prezentovat výsledky své práce, odpovědět na posudky oponentů a reagovat na další připomínky v diskusi.

Výukové metody

Presentace písemné práce a její obhajoba.

Metody hodnocení

Obhajoba probíhá ústně formou veřejné prezentace.

Výstupy z učení

Student prokáže schopnost veřejně a strukturovaně prezentovat výsledky své práce, odpovědět na posudky oponentů a reagovat na další připomínky v diskusi.

Osnova

Prezentace cílů a výsledků práce. Posudky oponenta a vedoucího práce. Odpovědi na posudky. Rozprava.

Literatura

Studijní katalog Fakulty informatiky. Brno: Masarykova univerzita, 2008, 342 s. ISBN 978-80-210-4592-7.

FI:SZB Státní zkouška (bakalářský studijní program)

0 kreditů, ukončení SZk, garant předmětu doc. RNDr. David Svoboda, Ph.D.

Vyučující

doc. RNDr. David Svoboda, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Bakalářská Státní závěrečná zkouška.

Výukové metody

Bakalářská Státní závěrečná zkouška.

Metody hodnocení

Ústní zkouška.

Výstupy z učení

Žádné informace.

Osnova

Bakalářská Státní závěrečná zkouška je ústní. Student odpovídá na dvě náhodně vylosované otázky před komisí.

Literatura

Žádné informace.

FI:VB000 Základy odborného stylu

2 kredity, ukončení k, garant předmětu doc. RNDr. Aleš Horák, Ph.D.

Vyučující

Mgr. Hana Žižková, Ph.D. (přednášející)

RNDr. Zuzana Nevěřilová, Ph.D. (přednášející)

Mgr. et Mgr. Marie Stará (přednášející)

Cíle předmětu

Hlavní cíle předmětu jsou: pozitivní komunikace, komunikační bariéry a jejich překonávání; pravidla odborného vyjadřování po teoretické i praktické stránce; vypracování písemných prací (kapitol bakalářské práce): Úvod k bakalářské práci a část bakalářské práce Související práce/Současný stav; opravy chyb a jejich objasnění individuálně; pravopisné systémy a pravidla jazykové správnosti; ústní prezentace zvoleného tématu; základní pravidla správné argumentace;

Výukové metody

Přednášky; cvičení a diskuse v hodině

Metody hodnocení

Dva psané texty; ústní prezentace včetně videonahrávky a celkového hodnocení;

Výstupy z učení

Student bude po absolvování předmětu schopen:

rozpoznat základní charakteristiky odborného stylu (formální, přesný, pevně strukturovaný, využívající oslabení platnosti výpovědi)

rozvrhnout písemnou část své bakalářské práce;

zvolit vhodné odborné zdroje pro danou odbornou oblast;

shrnout dosavadní stav poznání v dané odborné oblasti;

zformulovat cíl, metody a výsledky své bakalářské práce;

správně citovat odborné zdroje;

napsat abstrakt

Osnova

Zásady pozitivní komunikace, komunikační bariéry a jejich překonávání; pravidla odborného vyjadřování po teoretické i praktické stránce; kompozice a struktura odborného textu, terminologie; vypracování písemných prací: Úvod k bakalářské práci a Související práce/Současný stav; opravy chyb studentů a jejich objasnění individuálně; pravopisné systémy a pravidla jazykové správnosti; ústní prezentace zvoleného tématu (včetně videozáznamu a analýzy); základní pravidla správné argumentace;

Literatura**doporučená literatura**

KRATOCHVÍL, Jiří, Petr SEJK, Věra ELIÁŠOVÁ a Marek STEHLÍK. *Metodika tvorby bibliografických citací*. 2. vydání. Brno: Masarykova univerzita, 2011. Elportál. ISSN 1802-128X. PURL <http://elportal.cz/publikace/bibliograficke-citace> url <http://is.muni.cz/elportal/?id=954043>

ŠANDEROVÁ, Jadwiga. *Jak číst a psát odborný text ve společenských vědách*. Praha: Sociologické nakladatelství, 2009, 209 s. Studijní texty, 34. svazek. ISBN 978-80-86429-40-3.

JANOVEC, Ladislav, Lucie BUŠOVÁ, Adéla ŘÍHOVÁ a Markéta ŠAMALOVÁ. *Na co se často ptáte. Jak používat čárku a další interpunkční znaménka*. Praha: Klett nakladatelství, 2006, 135 s. ISBN 80-86906-76-0.

ŠVANDOVÁ, Blažena a Milan JELÍNEK. *Argumentace a umění komunikovat*. první. Brno: PedF MU Brno, 1999, 330 s. Monografie 74. ISBN 1-210-2186-1.

FI:VB000Eng **Introduction to Academic Writing**

2 kredity, ukončení k, garant předmětu Mgr. Eva Rudolfová

Vyučující

Mgr. Antonín Zita, M.A., Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

This course is designed to teach students the basics of academic writing that will enable them write a research paper or a thesis in English. The students will be familiarized with the writing of topic sentences, thesis statements, and coherent and cohesive paragraphs. The students will practice these steps of the writing process via in-class writing, text analysis, and written homework. Focus is placed on elegant and clear style rather than the frequently needlessly complex and obtrusive style of many non-native speakers. While some grammatical aspects of English used in the academia will be touched upon in the class (e.g. the passive voice), the course is not a language class and those not familiar with given grammar will need to improve their knowledge sufficient for class purposes through external means.

Výukové metody

Lectures, reading, exercises, class discussion, peer feedback on homework.

Metody hodnocení

Regular homework, in-class exercises and discussion, peer feedback on discussion forums in the IS, consultations with the instructor.

Výstupy z učení

Students will become familiar with the basics of academic writing in English. They will be able to tell apart a poorly-written text from a well-written one and will be able to use frequent features of academic language (e.g. the passive voice, complex sentence structure, nominalizations, ...) in a proper way. Finally, students will understand the importance of coherence and cohesion in English academic writing.

Osnova

Basic academic English guidelines; academic vocabulary
Frequent features of academic writing
Mechanics and clarity of writing
Writing effectively
Paragraph writing - developing the central idea, coherence, cohesion
Introduction and conclusion, thesis statement

Literatura

doporučená literatura

DAY, Trevor. *Success in academic writing*. Second edition. London: Palgrave, Macmillan international higher education, 2018, xiii, 228. ISBN 9781352002041.

FOWLER, H. Ramsey a Jane E. AARON. *The Little, Brown handbook*. Thirteenth edition. Boston: Pearson, 2016, 921 stran. ISBN 9781292099477.

BIZUP, Joseph a Joseph M. WILLIAMS. *Style : lessons in clarity and grace*. Eleventh edition, Pearson ne. Harlow, Essex: Pearson, 2014, ii, 226. ISBN 9781292039794.

SWALES, John a Christine B. FEAK. *Academic writing for graduate students : essential tasks and skills*. 2nd ed. Ann Arbor: University of Michigan Press, 2004, ix, 331. ISBN 0472088564.

FI:VV076 **Etika a informační technologie**

2 kredity, ukončení k, garant předmětu Mgr. Tomáš Foltýnek, Ph.D.

Vyučující

Mgr. Tomáš Foltýnek, Ph.D. (přednášející)

Cíle předmětu

Seznámit studenty s etickými problémy spojenými s informačními technologiemi, etickými dilematy a způsoby jejich řešení. Předmět se zabývá etickými otázkami souvisejícími se sběrem, ukládáním, zpracováním a prezentací dat a informací, algoritmy na podporu rozhodování a jejich společenským přesahem.

Výukové metody

Přednášky

Metody hodnocení

Kolokvium se uděluje po získání alespoň 60 bodů:

20 bodů: Odpovědníky nebo KvISy k zadaným článkům

10 bodů: Aktivní zapojení do diskuse

10 bodů: Online aktivita - Tipy na zajímavé články v předmetové diskusi; Příspěvky na sociálních sítích, blogu, atd.

20 bodů: Analýza vlivu ChatGPT ve zvoleném předmětu

20 bodů: Prezentace zvoleného tématu v rámci přednášky (po předchozí domluvě)

20 bodů: Esej na dané téma

20 bodů: Aktivní účast na diskusním večeru během zkouškového období

10 bodů: Kritická zpětná vazba k eseji někoho jiného

Výstupy z učení

Schopnost identifikovat problémy týkající se etiky informačních technologií a schopnost tyto problémy strukturovaně analyzovat. Schopnost řešit morální dilemata související s informačními technologiemi včetně důkladné argumentace zvoleného řešení. Schopnost debatovat o morálních dilematech, porozumět oponentním názorům a dokázat je přijmout, anebo se s nimi argumentačně vypořádat.

Osnova

1. Úvod do etiky, základní pojmy: Etika, morálka, hodnoty, ctnosti Morální dilema, Diskuse o morálních dilematech: Debata a dialog
2. Etické nakládání s daty: Jak produkovat a shromažďovat data eticky? Kdo je vlastníkem dat? Kapitalismus dohledu
3. Etické aspekty sociálních médií a zpravodajských serverů: Pozitivní a negativní obsah a jeho atraktivita, Pay-per-click a společenská odpovědnost
4. ChatGPT: Jak ChatGPT ohrožuje výuku? A jak jej využít pozitivně?
5. Mediální manipulace a dezinformace na internetu: Důsledky nekvalitního, zavádějícího a nenávislného obsahu na internetu, Jak mohou informační technologie předcházet či omezovat šíření dezinformací?
6. Filtrování informací a cenzura: Kdy lze filtrování informací považovat za etické? Nová Velká Čínská zeď, Právo na zapomnění v EU
7. Zkreslení informací v algoritmech: Etické aspekty transformace dat na informace a znalosti, Etické aspekty prezentace dat
8. Etický hacking: Myšlení hackera, kdy je hackování etické, Bug bounty programy
9. Internet a autorská práva: „ Remixová “kultura, Volné dílo a licence Creative commons, Problematika plagiátorství
10. Informační technologie pro prevenci a detekci neetického jednání: Plagiátorství a jeho detekce, Proctoringové systémy, Detekce textu generovaného umělou inteligencí
11. Etika umělé inteligence: Ethics by design, ethics in design, ethics for design. Zákony robotiky
12. Profesní etika v IT: Co znamená „ být dobrým informatikem “?, Etické otázky při návrhu a vývoji IT

Literatura

Žádné informace.

3 Personální zabezpečení

Kapitola zahrnuje akademické pracovníky MU podílející se na garanci nebo výuce povinných a povinně volitelných předmětů ve studijním programu.

U všech akademických pracovníků jsou uvedeny údaje o zkušenostech s vedením kvalifikačních prací na MU od roku 2000 a to ve formě počet aktuálně vedených prací / celkový počet vedených a úspěšně obhájených prací.

U garantů předmětů profilujícího základu (P) a garantů základních teoretických předmětů profilujícího základu (Z) jsou v souladu s nařízením vlády (č. 274/2016 Sb.) o Standardech pro akreditaci ve VŠ automaticky kontrolovány následující náležitosti:

- Personální list: kontrola zjišťuje, zda je vyplněný personální list.
- Kvalifikace: Garanti (P) předmětů u magisterských programů musí mít minimálně vysokoškolské doktorské vzdělání. Garanti (Z) předmětů v bakalářských programech musí mít minimálně vysokoškolské doktorské vzdělání.
- Habilitace: Garanti (Z) předmětů u magisterských programů musí být habilitovaní.
- Podíl na výuce: Garanti (Z) předmětů v bakalářských a magisterských programech se musí podílet na výuce.

3.1 Garanti profilujících předmětů

prof. RNDr. Luboš Brim, CSc.

Garant profilujícího předmětu — P

Profesura: (2006) Informatika (Masarykova univerzita)

Habilitace: (1996) Informatika (Masarykova univerzita)

FI: PA052 Úvod do systémové biologie (garant)

Bakalářské práce: 0 / 21
Diplomové práce: 0 / 27
Disertační práce: 1 / 12

doc. Ing. RNDr. Barbora Bůhnová, Ph.D.

Garant profilujícího předmětu — P
Habilitation: (2017) Informatika (Masarykova univerzita)
FI: PB007 Software Engineering I (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 4 / 37
Diplomové práce: 9 / 121
Disertační práce: 3 / 6

doc. RNDr. Vlastislav Dohnal, Ph.D.

Garant profilujícího předmětu — P
Habilitation: (2012) Informatika (Masarykova univerzita)
FI: PB168 Základy databázových a informačních systémů (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 3 / 74
Diplomové práce: 3 / 71
Disertační práce: 3 / 4

doc. Mgr. Petr Hasil, Ph.D.

Garant profilujícího předmětu — Z
Habilitation: (2017) Matematika - Matematická analýza (Masarykova univerzita)
FI: MB141 Lineární algebra a diskrétní matematika (přednášející, garant)
FI: MB142 Aplikovaná matematická analýza (náhr. zkoušející, garant)

Bakalářské práce: 3 / 16
Diplomové práce: 1 / 8
Disertační práce: 0 / 2

doc. Mgr. David Kraus, Ph.D.

Garant profilujícího předmětu — Z
Habilitation: (2022) Matematika - Aplikovaná matematika (Masarykova univerzita)
FI: MB143 Návrh a analýza statistických experimentů (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 1 / 5
Diplomové práce: 5 / 11
Disertační práce: 0 / 0

doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D.

Garant profilujícího předmětu — P, Z
Habilitation: (2023) Informatiky (Masarykova univerzita)
FI: IV107 Bioinformatika sekvencí a genomů (přednášející, garant)
FI: IV114 Projekt z bioinformatiky a systémové biologie (přednášející, garant)
FI: PA055 Vizualizace bioinformatických dat (přednášející, garant)
FI: PB051 Výpočetní metody v bioinformatice a systémové biologii (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 2 / 44
Diplomové práce: 0 / 23
Disertační práce: 0 / 1

prof. RNDr. Luděk Matyska, CSc.

Garant profilujícího předmětu — Z
Profesura: (2009) Informatika (Masarykova univerzita)
Habilitation: (1998) Informatika (Masarykova univerzita)
FI: PA039 Supercomputer Architecture and Intensive Computations (přednášející, garant)
FI: PB001 Úvod do informačních technologií (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 0 / 7
Diplomové práce: 0 / 21
Disertační práce: 3 / 23

doc. Mgr. Radek Pelánek, Ph.D.

Garant profilujícího předmětu — Z

Habilitace: (2011) Informatika (Masarykova univerzita)

FI: IB113 Úvod do programování a optimalizace (přednášející, garant)

FI: IV109 Modelování a simulace (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 0 / 45

Diplomové práce: 4 / 52

Disertační práce: 2 / 6

prof. RNDr. Petr Skládal, CSc.

Garant profilujícího předmětu — Z

Profesura: (2022) Biochemie (Masarykova univerzita)

Habilitace: (1999) Biochemie (Masarykova univerzita)

PřF: C3181 Biochemie I (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 3 / 58

Diplomové práce: 7 / 56

Disertační práce: 6 / 25

Kvalifikační práce mimo MU:

Diplomové práce: 1 (VUT)

doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D.

Garant profilujícího předmětu — P

Habilitace: (2017) Biomolekulární chemie (Masarykova univerzita)

PřF: C2133 Úvod do chemoinformatiky (přednášející, garant)

PřF: C2142 Návrh algoritmů pro přírodovědce (přednášející, garant)

PřF: C2145 Strukturní bioinformatika v praxi (přednášející, garant)

PřF: C9088 RNAseq analýza (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 1 / 41

Diplomové práce: 1 / 39

Disertační práce: 5 / 11

doc. RNDr. David Šafránek, Ph.D.

Garant profilujícího předmětu — P

Habilitace: (2020) Informatika (Masarykova univerzita)

FI: PA052 Úvod do systémové biologie (přednášející)

FI: PB050 Modelování a predikce v systémové biologii (přednášející, garant)

FI: PB051 Výpočetní metody v bioinformatice a systémové biologii (přednášející)

FI: PV225 Laboratoř systémové biologie (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 4 / 46

Diplomové práce: 0 / 32

Disertační práce: 0 / 0

prof. RNDr. Jan Šmarda, CSc.

Garant profilujícího předmětu — P

Profesura: (2005) Molekulární biologie a genetiky (Masarykova univerzita)

Habilitace: (1997) Molekulární biologie (Masarykova univerzita)

PřF: BI4020 Molekulární biologie (garant)

Bakalářské práce: 0 / 29

Diplomové práce: 0 / 20

Disertační práce: 0 / 10

prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D.

Garant profilujícího předmětu — P, Z

Profesura: (2013) Biochemie (Masarykova univerzita)

Habilitace: (2007) Biochemie (Masarykova univerzita)

PřF: C2131 Úvod do bioinformatiky (přednášející, garant)

PřF: C2132 Úvod do bioinformatiky - seminář (přednášející, garant)

PřF: C2135 Bioinformatika v praxi (přednášející, garant)

PřF: C3210 Strukturní bioinformatika (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 3 / 91
Diplomové práce: 3 / 69
Disertační práce: 7 / 17

3.2 Vyučující a cvičící

prof. RNDr. Jiří Barnat, Ph.D.

FI: SBPRIP Opakování před SBZZ (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 3 / 65
Diplomové práce: 2 / 37
Disertační práce: 2 / 6

Mgr. Luděk Bártek, Ph.D.

FI: PB138 Základy webového vývoje a značkovacích jazyků (přednášející)

Bakalářské práce: 4 / 84
Diplomové práce: 1 / 30
Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Michal Batko, Ph.D.

FI: PV003 Architektura relačních databázových systémů (cvičící, garant)

Bakalářské práce: 1 / 28
Diplomové práce: 2 / 25
Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Mgr. Jaroslav Bayer

FI: PV005 Služby počítačových sítí (přednášející)

Bakalářské práce: 2 / 40
Diplomové práce: 2 / 12
Disertační práce: 0 / 0

doc. Ing. Michal Brandejs, CSc.

FI: PV004 UNIX (přednášející, garant)

FI: PV005 Služby počítačových sítí (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 4 / 45
Diplomové práce: 1 / 46
Disertační práce: 0 / 2

doc. RNDr. Tomáš Brázdil, Ph.D.

FI: IB031 Úvod do strojového učení (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 1 / 27
Diplomové práce: 2 / 30
Disertační práce: 2 / 3

Mgr. Eva Budinská, Ph.D.

PřF: C9088 RNAseq analýza (přednášející)

Bakalářské práce: 1 / 14
Diplomové práce: 5 / 11
Disertační práce: 2 / 2

prof. RNDr. Ivana Černá, CSc.

FI: IB114 Úvod do programování a algoritmizace II (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 3 / 40
Diplomové práce: 0 / 27
Disertační práce: 1 / 9

Mgr. Kateřina Dadáková, Ph.D.

PřF: C3180 Biochemie I - seminář (cvičící)

Bakalářské práce: 5 / 15

Diplomové práce: 2 / 4

Disertační práce: 0 / 0

prof. RNDr. Jiří Doškař, CSc.

PřF: BI4020 Molekulární biologie (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 23

Diplomové práce: 0 / 23

Disertační práce: 0 / 10

doc. Mgr. Pavel Dvořák, Ph.D.

FI: PV225 Laboratoř systémové biologie (přednášející)

Bakalářské práce: 1 / 7

Diplomové práce: 4 / 10

Disertační práce: 4 / 4

RNDr. Veronika Eclerová, Ph.D.

FI: MA018 Numerical Methods (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 6

Diplomové práce: 3 / 3

Disertační práce: 0 / 0

doc. Mgr. Zdeněk Farka, Ph.D.

PřF: C3180 Biochemie I - seminář (cvičící, garant)

Bakalářské práce: 2 / 14

Diplomové práce: 2 / 6

Disertační práce: 2 / 2

Mgr. Tomáš Foltýnek, Ph.D.

FI: IB000 Matematické základy informatiky (cvičící)

FI: IB031 Úvod do strojového učení (cvičící)

FI: VV076 Etika a informační technologie (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 2 / 5

Diplomové práce: 2 / 4

Disertační práce: 0 / 0

Kvalifikační práce mimo MU:

Bachelor's theses: 57 Master's theses: 50

Mgr. Pavel Francírek, Ph.D.

FI: MB142 Aplikovaná matematická analýza (cvičící)

Bakalářské práce: 2 / 3

Diplomové práce: 0 / 0

Disertační práce: 0 / 0

doc. RNDr. Eva Hladká, Ph.D.

FI: PB001 Úvod do informačních technologií (přednášející)

Bakalářské práce: 8 / 85

Diplomové práce: 3 / 37

Disertační práce: 2 / 4

prof. RNDr. Petr Hliněný, Ph.D.

FI: IB000 Matematické základy informatiky (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 1 / 27
Diplomové práce: 0 / 19
Disertační práce: 4 / 10

doc. RNDr. Aleš Horák, Ph.D.

FI: PB016 Úvod do umělé inteligence (přednášející, garant)

FI: VB000 Základy odborného stylu (garant)

Bakalářské práce: 8 / 63
Diplomové práce: 3 / 34
Disertační práce: 4 / 8

Kvalifikační práce mimo MU:

Disertační práce: 2

Mgr. Josef Houser, Ph.D.

PřF: C2131 Úvod do bioinformatiky (přednášející)

PřF: C2132 Úvod do bioinformatiky - seminář (přednášející)

PřF: C2135 Bioinformatika v praxi (cvičící)

PřF: C3210 Strukturní bioinformatika (přednášející)

Bakalářské práce: 1 / 7
Diplomové práce: 0 / 6
Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Jan Kasprzak, Ph.D.

FI: PV005 Služby počítačových sítí (přednášející)

Bakalářské práce: 1 / 44
Diplomové práce: 0 / 16
Disertační práce: 0 / 0

Mgr. David Kruml, Ph.D.

FI: MB141 Lineární algebra a diskrétní matematika (přednášející)

Bakalářské práce: 1 / 33
Diplomové práce: 1 / 6
Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Petr Kulhánek, Ph.D.

PřF: C2110 Operační systém UNIX a základy programování (přednášející, garant)

PřF: C2150 Zpracování informací a vizualizace v chemii a biochemii (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 1 / 11
Diplomové práce: 3 / 18
Disertační práce: 0 / 2

Mgr. Roman Lacko

FI: PV005 Služby počítačových sítí (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 0
Diplomové práce: 0 / 0
Disertační práce: 0 / 0

Mgr. Lenka Malinovská, Ph.D.

PřF: C2131 Úvod do bioinformatiky (přednášející)

PřF: C2132 Úvod do bioinformatiky - seminář (přednášející)

PřF: C2135 Bioinformatika v praxi (cvičící)

Bakalářské práce: 1 / 17
Diplomové práce: 0 / 9
Disertační práce: 0 / 0

Mgr. Filip Melicher

PřF: C3210 Strukturní bioinformatika (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 0

Diplomové práce: 0 / 0

Disertační práce: 0 / 0

Ing. Peter Michálek

FI: PV005 Služby počítačových sítí (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 0

Diplomové práce: 0 / 0

Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Vít Musil, Ph.D.

FI: IB000 Matematické základy informatiky (cvičící)

Bakalářské práce: 5 / 5

Diplomové práce: 0 / 0

Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Radim Navrátil, Ph.D.

FI: MB143 Návrh a analýza statistických experimentů (cvičící)

Bakalářské práce: 0 / 14

Diplomové práce: 4 / 15

Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Zuzana Nevěřilová, Ph.D.

FI: VB000 Základy odborného stylu (přednášející)

Bakalářské práce: 3 / 30

Diplomové práce: 1 / 17

Disertační práce: 0 / 0

doc. Mgr. Bc. Vít Nováček, PhD

FI: IB031 Úvod do strojového učení (cvičící)

FI: PB016 Úvod do umělé inteligence (cvičící)

FI: PB051 Výpočetní metody v bioinformatice a systémové biologii (přednášející)

Bakalářské práce: 2 / 10

Diplomové práce: 3 / 9

Disertační práce: 4 / 4

Kvalifikační práce mimo MU:

Bakalářské práce: 0 Diplomové práce: 3 Disertační práce: 2

doc. RNDr. Petr Novotný, Ph.D.

FI: IB000 Matematické základy informatiky (cvičící)

Bakalářské práce: 2 / 14

Diplomové práce: 1 / 8

Disertační práce: 1 / 1

Kvalifikační práce mimo MU:

Bakalářské práce: 0 Diplomové práce: 0 Disertační práce: 1 (co-supervisor)

doc. Mgr. Jan Obdržálek, PhD.

FI: IB000 Matematické základy informatiky (cvičící)

Bakalářské práce: 2 / 10

Diplomové práce: 2 / 19

Disertační práce: 1 / 1

RNDr. Tomáš Obšiváč

FI: PV005 Služby počítačových sítí (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 21
Diplomové práce: 0 / 5
Disertační práce: 0 / 0**doc. RNDr. Radek Ošlejšek, Ph.D.**

FI: PB112 Základy objektově orientovaného programování v jazyce Java (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 7 / 84
Diplomové práce: 7 / 107
Disertační práce: 0 / 0**MVDr. Eva Paulenová, Ph.D.**

PřF: C3210 Strukturní bioinformatika (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 2
Diplomové práce: 0 / 0
Disertační práce: 0 / 0**Mgr. Marta Pelcová, Ph.D.**

PřF: C3180 Biochemie I - seminář (cvičící)

Bakalářské práce: 0 / 8
Diplomové práce: 6 / 9
Disertační práce: 0 / 0**prof. RNDr. Tomáš Pitner, Ph.D.**

FI: PB112 Základy objektově orientovaného programování v jazyce Java (přednášející)

FI: PB138 Základy webového vývoje a značkovacích jazyků (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 6 / 148
Diplomové práce: 10 / 216
Disertační práce: 1 / 9Kvalifikační práce mimo MU:
Doctoral theses, Dissertations: 1 (co-supervision, University of Vienna)**doc. Mgr. Pavel Plevka, Ph.D.**

PřF: C9530 Strukturní biochemie (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 7
Diplomové práce: 1 / 7
Disertační práce: 7 / 12**RNDr. Jaromír Pihák, Ph.D.**

FI: IB113 Úvod do programování a algoritmizace (cvičící)

FI: IB114 Úvod do programování a algoritmizace II (cvičící)

Bakalářské práce: 6 / 38
Diplomové práce: 2 / 7
Disertační práce: 0 / 0**doc. RNDr. Lubomír Popelínský, Ph.D.**

FI: PB016 Úvod do umělé inteligence (přednášející)

Bakalářské práce: 1 / 29
Diplomové práce: 2 / 50
Disertační práce: 0 / 5

RNDr. Jaroslav Ráček, Ph.D.

FI: PB153 Operační systémy a jejich rozhraní (přednášející, garant)
FI: PB168 Základy databázových a informačních systémů (přednášející)

Bakalářské práce: 11 / 126
Diplomové práce: 3 / 147
Disertační práce: 0 / 0

Kvalifikační práce mimo MU:
Bakalářské práce: 5

RNDr. Tomáš Raček, Ph.D.

PřF: C2142 Návrh algoritmů pro přírodovědce (přednášející)
PřF: C2144 Python pro bioinformatiky (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 2 / 11
Diplomové práce: 1 / 5
Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Lukáš Ručka

FI: PB176 Základy kvality a správy kódu (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 1 / 9
Diplomové práce: 0 / 0
Disertační práce: 0 / 0

Kvalifikační práce mimo MU:
-

Mgr. Eva Rudolfová

FI: VB000ENG Introduction to Academic Writing (garant)

Bakalářské práce: 0 / 0
Diplomové práce: 0 / 0
Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Michal Růžička, Ph.D.

FI: PB029 Elektronická příprava dokumentů (cvičící)

Bakalářské práce: 0 / 5
Diplomové práce: 4 / 7
Disertační práce: 0 / 0

Mgr. Vojtěch Sedláček, Ph.D.

PřF: C3180 Biochemie I - seminář (cvičící)

Bakalářské práce: 0 / 1
Diplomové práce: 2 / 2
Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Bc. Iveta Selingerová, Ph.D.

FI: MB143 Návrh a analýza statistických experimentů (cvičící)

Bakalářské práce: 1 / 4
Diplomové práce: 4 / 7
Disertační práce: 0 / 0

doc. RNDr. Petr Sojka, Ph.D.

FI: PB029 Elektronická příprava dokumentů (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 2 / 61
Diplomové práce: 3 / 57
Disertační práce: 1 / 4

doc. RNDr. David Svoboda, Ph.D.

FI: IB000 Matematické základy informatiky (cvičící)
FI: SBAPR Bakalářská práce (přednášející, garant)
FI: SOBHA Obhajoba závěrečné práce (přednášející, garant)
FI: SZB Státní zkouška (bakalářský studijní program) (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 2 / 25
Diplomové práce: 2 / 17
Disertační práce: 0 / 1

Mgr. Tomáš Szaniszlo

FI: PV005 Služby počítačových sítí (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 0
Diplomové práce: 0 / 0
Disertační práce: 0 / 0

prof. RNDr. Omar Šerý, Ph.D.

PřF: C7170 Struktura a funkce buňky (přednášející, garant)

Bakalářské práce: 3 / 74
Diplomové práce: 4 / 42
Disertační práce: 4 / 11

Mgr. Jiřina Šišoláková, Ph.D.

FI: MB142 Aplikovaná matematická analýza (cvičící)

Bakalářské práce: 0 / 0
Diplomové práce: 0 / 0
Disertační práce: 0 / 0

RNDr. Pavel Šmerk, Ph.D.

FI: VB000 Základy odborného stylu (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 4
Diplomové práce: 0 / 2
Disertační práce: 0 / 0

Mgr. Zuzana Trošanová, Ph.D.

PřF: C9531 Strukturní biochemie - seminář (cvičící)

Bakalářské práce: 0 / 0
Diplomové práce: 0 / 0
Disertační práce: 0 / 0

doc. RNDr. Michal Veselý, Ph.D.

FI: MB142 Aplikovaná matematická analýza (přednášející)

Bakalářské práce: 3 / 25
Diplomové práce: 0 / 9
Disertační práce: 1 / 3

Mgr. Jakub Záhurecký, Ph.D.

FI: MA018 Numerical Methods (cvičící)

Bakalářské práce: 0 / 0
Diplomové práce: 0 / 0
Disertační práce: 0 / 0

Mgr. Jiří Zelinka, Dr.

FI: MA018 Numerical Methods (cvičící, garant)

Bakalářské práce: 1 / 35
Diplomové práce: 5 / 38

Disertační práce: 0 / 0

Mgr. Antonín Zita, M.A., Ph.D.

FI: VB000ENG Introduction to Academic Writing (přednášející)

Bakalářské práce: 0 / 0

Diplomové práce: 0 / 0

Disertační práce: 0 / 0

prof. Mgr. Lukáš Židek, Ph.D.

PřF: C9530 Strukturní biochemie (přednášející, garant)

PřF: C9531 Strukturní biochemie - seminář (cvičící, garant)

Bakalářské práce: 2 / 13

Diplomové práce: 0 / 13

Disertační práce: 4 / 11

Mgr. Hana Žižková, Ph.D.

FI: VB000 Základy odborného stylu (přednášející)

Bakalářské práce: 1 / 23

Diplomové práce: 8 / 21

Disertační práce: 0 / 0

3.3 Struktura pedagogických pracovníků dle věku

Pracovní pozice	Do 35 let	36 — 55 let	56 — 70 let	71 a více let
Profesor	0	6	4	2
Docent	1	17	5	0
Odborný asistent	2	12	0	0
Lektor	4	7	0	0
Výzkumný pracovník	0	1	0	0
Jiná (není akademický pracovník)	5	7	0	0

3.4 Počet zahraničních pedagogických pracovníků

	Počet
Celkový počet pedagogických pracovníků	73
Z toho ze Slovenské republiky	8
Z toho z ostatních zemí	0
Celkový počet pracovníků ze zahraničí	8

3.5 Publikační činnost

V kapitole je autorem vybráno jeho až pět nejvýznamnějších publikací za posledních pět let.

prof. RNDr. Luboš Brim, CSc.

AEON.py: Python library for attractor analysis in asynchronous Boolean networks [Typ výsledku: Jimp]

BENEŠ, Nikola, Luboš BRIM, Ondřej HUVAR, Samuel PASTVA, David ŠAFRÁNEK a Eva ŠMIJÁKOVÁ. AEON.py: Python library for attractor analysis in asynchronous Boolean networks. BIOINFORMATICS. UK: OXFORD UNIV PRESS, 2022, roč. 38, č. 21, s. 4978-4980. ISSN 1367-4803. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btac624>.

Boolean network sketches: a unifying framework for logical model inference [Typ výsledku: Jimp]

BENEŠ, Nikola, Luboš BRIM, Ondřej HUVAR, Samuel PASTVA a David ŠAFRÁNEK. Boolean network sketches: a unifying framework for logical model inference. Bioinformatics. 2023, roč. 39, č. 4, s. "btad158", 8 s. ISSN 1367-4803. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btad158>.

Computing Bottom SCCs Symbolically Using Transition Guided Reduction [Typ výsledku: D]

BENEŠ, Nikola, Luboš BRIM, Samuel PASTVA a David ŠAFRÁNEK. Computing Bottom SCCs Symbolically Using Transition Guided Reduction. Online. In Alexandra Silva, K. Rustan, M. Leino. Computer Aided Verification - 33rd International Conference, CAV 2021. Neuveden: Springer Nature, 2021, s. 505-528. ISBN 978-3-030-81684-1. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-81685-8_24.

Symbolic Coloured SCC Decomposition [Typ výsledku: D]

BENEŠ, Nikola, Luboš BRIM, Samuel PASTVA a David ŠAFRÁNEK. Symbolic Coloured SCC Decomposition. Online. In Jan Friso Groote, Kim Larsen. Tools and Algorithms for the Construction and Analysis of Systems, 27th International Conference, TACAS 2021. Neuv eden: Springer Nature, 2021, s. 64-83. ISBN 978-3-030-72012-4. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-72013-1_4.

AEON: Attractor Bifurcation Analysis of Parametrised Boolean Networks [Typ výsledku: D]

BENEŠ, Nikola, Luboš BRIM, Jakub KADLECAJ, Samuel PASTVA a David ŠAFRÁNEK. AEON: Attractor Bifurcation Analysis of Parametrised Boolean Networks. In Shuvendu K. Lahiri and Chao Wang. Computer Aided Verification. CAV 2020. LNCS 12224. Cham: Springer, Cham, 2020, s. 569-581. ISBN 978-3-030-53287-1. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-53288-8_28.

doc. Ing. RNDr. Barbora Bůhnová, Ph.D.**Trust Management in Social Internet of Things across Domains [Typ výsledku: Jimp]**

BANGUI, Hind, Barbora BŮHNOVÁ, Daša KUŠNIRÁKOVÁ a Dávid HALÁSZ. Trust Management in Social Internet of Things across Domains. Internet of Things. Elsevier, 2023, roč. 23, č. 1, s. 1-26. ISSN 2543-1536. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.iot.2023.100833>.

On Autonomous Dynamic Software Ecosystems [Typ výsledku: Jimp]

CAPILLA, Rafael, Emilia CIOROAICA, Barbora BŮHNOVÁ a Jan BOSCH. On Autonomous Dynamic Software Ecosystems. IEEE Transactions on Engineering Management. IEEE, 2022, roč. 69, č. 6, s. 3633-3647. ISSN 0018-9391. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/TEM.2021.3116873>.

Towards Faster Big Data Analytics for Anti-Jamming Applications in vehicular ad-hoc network [Typ výsledku: Jimp]

BANGUI, Hind, Mouzhi GE, Barbora BŮHNOVÁ a Le Hong TRANG. Towards Faster Big Data Analytics for Anti-Jamming Applications in vehicular ad-hoc network. Transactions on Emerging Telecommunications Technologies. ENGLAND: WILEY, 2021, roč. 32, č. 10, s. 1-18. ISSN 2161-3915. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/ett.4280>.

Architecture design evaluation of PaaS cloud applications using generated prototypes: PaaSArch Cloud Prototyper tool [Typ výsledku: Jimp]

GEŠVINDR, David, Ondřej GASIOR a Barbora BŮHNOVÁ. Architecture design evaluation of PaaS cloud applications using generated prototypes: PaaSArch Cloud Prototyper tool. Journal of Systems and Software. Elsevier, 2020, roč. 169, November, s. 1-21. ISSN 0164-1212. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jss.2020.110701>.

A Cross-Domain Landscape of ICT Services in Smart Cities [Typ výsledku: C]

BŮHNOVÁ, Barbora, Terézia KAZIČKOVÁ, Mouzhi GE, Leonard WALLETZKÝ, Francesco CAPUTO a Luca CARRUBBO. A Cross-Domain Landscape of ICT Services in Smart Cities. Online. In Panos M. Pardalos, Stamatina Th. Rassia, Arsenios Tsokas. Artificial Intelligence, Machine Learning, and Optimization Tools for Smart Cities. Cham, Switzerland: Springer, 2022, s. 63-95. Springer Optimization and Its Applications, vol 186. ISBN 978-3-030-84458-5. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-84459-2_5.

doc. RNDr. Vlastislav Dohnal, Ph.D.**Metric hull as similarity-aware operator for representing unstructured data [Typ výsledku: Jimp]**

ANTOL, Matej, Miriama JÁNOŠOVÁ a Vlastislav DOHNAL. Metric hull as similarity-aware operator for representing unstructured data. Pattern Recognition Letters. Amsterdam: Elsevier, 2021, roč. 149, September 2021, s. 91-98. ISSN 0167-8655. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.patrec.2021.05.011>.

Reproducible experiments with Learned Metric Index Framework [Typ výsledku: Jimp]

SLANINÁKOVÁ, Terézia, Matej ANTOL, Jaroslav OLHA, Vlastislav DOHNAL, Susana LADRA a Miguel A. MARTÍNEZ-PRIETO. Reproducible experiments with Learned Metric Index Framework. Information systems. Elsevier, 2023, roč. 118, č. 1, s. 102255-102270. ISSN 0306-4379. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.is.2023.102255>.

Learned metric index - proposition of learned indexing for unstructured data [Typ výsledku: Jimp]

ANTOL, Matej, Jaroslav OLHA, Terézia SLANINÁKOVÁ a Vlastislav DOHNAL. Learned metric index - proposition of learned indexing for unstructured data. Information Systems. Elsevier, 2021, roč. 100, č. 101774, s. 1-12. ISSN 0306-4379. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.is.2021.101774>.

Learned Indexing in Proteins: Substituting Complex Distance Calculations with Embedding and Clustering Techniques [Typ výsledku: D]

OLHA, Jaroslav, Terézia SLANINÁKOVÁ, Martin GENDIAR, Matej ANTOL a Vlastislav DOHNAL. Learned Indexing in Proteins: Substituting Complex Distance Calculations with Embedding and Clustering Techniques. In Tomáš Skopal, Fabrizio Falchi, Jakub Lokoč, Maria Luisa Sapino, Ilaria Bartolini, Marco Patella. Similarity Search and Applications, 15th International Conference, SISAP 2022, Bologna, Italy, October 5 – 7, 2022, Proceedings. 1. vyd. Cham: Springer Cham, 2022, s. 274-282. ISBN 978-3-031-17848-1. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-17849-8_22.

Motion Words: A Text-like Representation of 3D Skeleton Sequences [Typ výsledku: D]

SEDMIDUBSKÝ, Jan, Petra BUDÍKOVÁ, Vlastislav DOHNAL a Pavel ZEŽULA. Motion Words: A Text-like Representation of 3D Skeleton Sequences. Online. In 42nd European Conference on Information Retrieval (ECIR). Cham: Springer, 2020, s. 527-541. ISBN 978-3-030-45438-8. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-45439-5_35.

doc. Mgr. Petr Hasil, Ph.D.**Modification of adapted Riccati equation and oscillation of linear and half-linear difference equations [Typ výsledku: Jimp]**

HASIL, Petr a Michal VESELÝ. Modification of adapted Riccati equation and oscillation of linear and half-linear difference equations. Applied Mathematics Letters. Elsevier, 2023, roč. 141, July 2023, s. 1-8. ISSN 0893-9659. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.aml.2023.108632>.

Nonoscillation of half-linear dynamic equations on time scales [Typ výsledku: Jimp]

HASIL, Petr, Jozef KISEL'ÁK, Michal POSPÍŠIL a Michal VESELÝ. Nonoscillation of half-linear dynamic equations on time scales. Mathematical Methods in the Applied Sciences. Wiley, 2021, roč. 44, č. 11, s. 8775-8797. ISSN 0170-4214. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/mma.7304>.

Limit periodic perturbations of difference systems with coefficients from commutative groups [Typ výsledku: Jimp]

HASIL, Petr a Michal VESELÝ. Limit periodic perturbations of difference systems with coefficients from commutative groups. Journal of Difference Equations and Applications. Taylor & Francis, 2023, roč. 29, č. 1, s. 43-66. ISSN 1023-6198. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1080/10236198.2022.2159818>.

Riccati transformation and non-oscillation criterion for linear difference equations [Typ výsledku: Jimp]

FUJIMOTO, Kodai, Petr HASIL a Michal VESELÝ. Riccati transformation and non-oscillation criterion for linear difference equations. Proceedings of the American Mathematical Society. Providence: American Mathematical Society, 2020, roč. 148, č. 10, s. 4319-4332. ISSN 0002-9939. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1090/proc/15072>.

Oscillation of linear and half-linear differential equations via generalized Riccati technique [Typ výsledku: Jimp]

HASIL, Petr a Michal VESELÝ. Oscillation of linear and half-linear differential equations via generalized Riccati technique. Revista Matemática Complutense. Springer-Verlag Italia s.r.l., 2022, roč. 35, č. 3, s. 835-849. ISSN 1139-1138. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s13163-021-00407-w>.

doc. Mgr. David Kraus, Ph.D.**Incidence of Hepatocellular Carcinoma in HIV/HBV-coinfected Patients on Tenofovir therapy: Relevance for Screening Strategies [Typ výsledku: Jimp]**

WANDELER, Gilles, Etienne MAURON, Andrew ATKINSON, Jean-François DUFOUR, David KRAUS, Peter REISS, Lars PETERS, François DABIS, Jan FEHR, Enos BERNASCONI, Marc van der VALK, Colette SMIT, Lars K GJÆRDE, Jürgen ROCKSTROH, Didier NEAU, Fabrice BONNET a Andri RAUCH. Incidence of Hepatocellular Carcinoma in HIV/HBV-coinfected Patients on Tenofovir therapy: Relevance for Screening Strategies. Journal of Hepatology. Amsterdam: ELSEVIER SCIENCE BV, 2019, roč. 71, č. 2, s. 274-280. ISSN 0168-8278. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jhep.2019.03.032>.

Evaluation of individual and ensemble probabilistic forecasts of COVID-19 mortality in the United States [Typ výsledku: Jimp]

CRAMER, EY, EL RAY, VK LOPEZ, J. BRACHER, A. BRENNEN, AJC RIVADENEIRA, A. GERDING, T. GNEITING, KH HOUSE, YX HUANG, D. JAYAWARDENA, AH KANJI, A. KHANDELWAL, K. LE, A. MUHLEMANN, J. NIEMI, A. SHAH, A. STARK, YJ WANG, N. WATTANACHIT, MW ZORN, Gu YY, S. JAIN, N. BANNUR, A. DEVA, M. KULKARNI, S. MERUGU, A. RAVAL, S. SHINGI, A. TIWARI, J. WHITE, NF ABERNETHY, S. WOODY, M. DAHAN, S. FOX, K. GAITHER, M. LACHMANN, LA MEYERS, JG SCOTT, M. TEC, A. SRIVASTAVA, GE GEORGE, JC CEGAN, ID DETWILLER, WP ENGLAND, MW FARTHING, RH HUNTER, B. LAFFERTY, I. LINKOV, ML MAYO, MD PARNO, MA ROWLAND, BD TRUMP, Y. ZHANG-JAMES, S. CHEN, SV FARAONE, J. HESS, CP MORLEY, A. SALEKIN, DL WANG, SM CORSETTI, TM BAER, MC EISENBERG, K. FALB, YT HUANG, Martin ET, E. MCCAULEY, RL MYERS, T. SCHWARZ, D. SHELDON, GC GIBSON, R. YU, LY GAO, Y. MA, DX WU, XF YAN, XY JIN, YX WANG, YQ CHEN, LH GUO, YT ZHAO, QQ GU, JH CHEN, LX WANG, P. XU, WT ZHANG, DF ZOU, H. BIEGEL, J. LEGA, S. MCCONNELL, VP NAGRAJ, SL GUERTIN, C. HULME-LOWE, SD TURNER, YF SHI, XG BAN, R. WALRAVEN, QJ HONG, S. KONG, A. VAN DE WALLE, JA TURTLE, M. BEN-NUN, S. RILEY, P. RILEY, U. KOYLUOGLU, D. DESROCHES, P. FORLI, B. HAMORY, C. KYRIAKIDES, H. LEIS, J. MILLIKEN, M. MOLONEY, J. MORGAN, N. NIRGUDKAR, G. OZCAN, N. PIWONKA, M. RAVI, C. SCHRADER, E. SHAKHNOVICH, D. SIEGEL, R. SPATZ, C. STIEFELING, B. WILKINSON, A. WONG, S. CAVANY, G. ESPANA, S. MOORE, R. OIDTMAN, A. PERKINS, David KRAUS, Andrea KRAUS, ZF GAO, J. BIAN, W. CAO, JL FERRES, CZ LI, TY LIU, X. XIE, S. ZHANG, S. ZHENG, A. VESPIGNANI, M. CHINAZZI, JT DAVIS, K. MU, APY PIONTTI, XY XIONG, A. ZHENG, J. BAEK, V. FARIAS, A. GEORGESCU, R. LEVI, D. SINHA, J. WILDE, G. PERAKIS, MA BENNOUNA, D. NZE-NDONG, D. SINGHVI, I. SPANTIDAKIS, L. THAYAPARAN, A. TSIOURVAS, A. SARKER, A. JADBABAIE, D. SHAH, N. DELLA PENNA, LA CELI, S. SUNDAR, R. WOLFINGER, D. OSTHUS, L. CASTRO, G. FAIRCHILD, I. MICHAUD, D. KARLEN, M. KINSEY, LC MULLANY, K. RAINWATER-LOVETT, L. SHIN, K. TALLAKSEN, S. WILSON, EC LEE, J. DENT, KH GRANTZ, AL HILL, J. KAMINSKY, K. KAMINSKY, LT KEEGAN, SA LAUER, JC LEMAITRE, J. LESSLER, HR MEREDITH, J. PEREZ-SAEZ, S. SHAH, CP SMITH, SA TRUELOVE, J. WILLS, M. MARSHALL, L. GARDNER, K. NIXON, JC BURANT, L. WANG, L. GAO, Gu ZL, M. KIM, XY LI, GN WANG, YY WANG, S. YU, RC REINER, R. BARBER, E. GAKIDOU, Hay SI, S. LIM, C. MURRAY, D. PIGOTT, HL GURUNG, P. BACCAM, SA STAGE, BT SUCHOSKI, BA PRAKASH, B. ADHIKARI, JM CUI, A. RODRIGUEZ, A. TABASSUM, JJ XIE, P. KESKINOCAK, J. ASPLUND, A. BAXTER, BE ORUC, N. SERBAN, SO ARIK, M. DUSENBERRY, A. EPSHTEYN, E. KANAL, Le LT, CL LI, T. PFISTER, D. SAVA, R. SINHA, T. TSAI, N. YODER, J. YOON, LY ZHANG, S. ABBOTT, NI BOSSE, S. FUNK, J. HELLEWELL, SR MEAKIN, K. SHERRATT, MY ZHOU, R. KALANTARI, TK YAMANA, S. PEI, J. SHAMAN, ML LI, D. BERTSIMAS, OS LAMI, S. SONI, HT BOUARDI, T. AYER, M. ADEE, J. CHHATWAL, OO DALGIC, MA LADD, BP LINAS, P. MUELLER, J. XIAO, YJ WANG, QX WANG, SH XIE, DL ZENG, A. GREEN, J. BIEN, L. BROOKS, AJ HU, M. JAHJA, D. MCDONALD, B. NARASIMHAN, C. POLITSCH, S. RAJANALA, A. RUMACK, N. SIMON, RJ TIBSHIRANI, R. TIBSHIRANI, V. VENTURA, L. WASSERMAN, EB O'DEA, JM DRAKE, R. PAGANO, QT TRAN, LST HO, H. HUYNH, JW WALKER, RB

SLAYTON, MA JOHANSSON, M. BIGGERSTAFF a NG REICH. Evaluation of individual and ensemble probabilistic forecasts of COVID-19 mortality in the United States. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. WASHINGTON: National Academy of Sciences, 2022, roč. 119, č. 15, s. "e2113561119", 12 s. ISSN 0027-8424. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1073/pnas.2113561119>.

Classification of functional fragments by regularized linear classifiers with domain selection [Typ výsledku: Jimp]

KRAUS, David a Marco STEFANUCCI. Classification of functional fragments by regularized linear classifiers with domain selection. Biometrika. Oxford: Oxford Univ Press, 2019, roč. 106, č. 1, s. 161-180. ISSN 0006-3444. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/biomet/asy060>.

Inferential procedures for partially observed functional data [Typ výsledku: Jimp]

KRAUS, David. Inferential procedures for partially observed functional data. Journal of Multivariate Analysis. San Diego: Elsevier, 2019, roč. 173, September, s. 583-603. ISSN 0047-259X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jmva.2019.05.002>.

Ridge reconstruction of partially observed functional data is asymptotically optimal [Typ výsledku: Jimp]

KRAUS, David a Marco STEFANUCCI. Ridge reconstruction of partially observed functional data is asymptotically optimal. Statistics and Probability Letters. Amsterdam: Elsevier, 2020, roč. 165, OCT 2020, s. 1-5. ISSN 0167-7152. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.spl.2020.108813>.

doc. Ing. Matej Lexa, Ph.D.

TE-greedy-nester: structure-based detection of LTR retrotransposons and their nesting [Typ výsledku: Jimp]

LEXA, Matej, Pavel JEDLIČKA, Ivan VANÁT, Michal ČERVEŇANSKÝ a Eduard KEJNOVSKÝ. TE-greedy-nester: structure-based detection of LTR retrotransposons and their nesting. Bioinformatics. OXFORD: OXFORD UNIV PRESS, 2020, roč. 36, č. 20, s. 4991-4999. ISSN 1367-4803. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa632>.

pqsfinder web: G-quadruplex prediction using optimized pqsfinder algorithm [Typ výsledku: Jimp]

LABUDOVÁ, Dominika, Jiří HON a Matej LEXA. pqsfinder web: G-quadruplex prediction using optimized pqsfinder algorithm. Bioinformatics. Oxford: Oxford University Press, 2020, roč. 36, č. 8, s. 2584-2586. ISSN 1367-4803. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btz928>.

HiC-TE: a computational pipeline for Hi-C data analysis to study the role of repeat family interactions in the genome 3D organization [Typ výsledku: Jimp]

LEXA, Matej, Monika ČECHOVÁ, Son Hoang NGUYEN, Pavel JEDLIČKA, Viktor TOKAN, Zdeněk KUBÁT, Roman HOBZA a Eduard KEJNOVSKÝ. HiC-TE: a computational pipeline for Hi-C data analysis to study the role of repeat family interactions in the genome 3D organization. BIOINFORMATICS. ENGLAND: OXFORD UNIV PRESS, 2022, roč. 38, č. 16, s. 4030-4032. ISSN 1367-4803. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btac442>.

What Can Long Terminal Repeats Tell Us About the Age of LTR Retrotransposons, Gene Conversion and Ectopic Recombination? [Typ výsledku: Jimp]

JEDLIČKA, Pavel, Matej LEXA a Eduard KEJNOVSKÝ. What Can Long Terminal Repeats Tell Us About the Age of LTR Retrotransposons, Gene Conversion and Ectopic Recombination? Frontiers in Plant Science. Lausanne (Switzerland): Frontiers Media SA, 2020, roč. 11, č. 644, s. 1-15. ISSN 1664-462X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3389/fpls.2020.00644>.

Nested plant LTR retrotransposons target specific regions of other elements, while all LTR retrotransposons often target palindromes and nucleosome-occupied regions: in silico study [Typ výsledku: Jimp]

JEDLIČKA, Pavel, Matej LEXA, Ivan VANÁT, Eduard KEJNOVSKÝ a Roman HOBZA. Nested plant LTR retrotransposons target specific regions of other elements, while all LTR retrotransposons often target palindromes and nucleosome-occupied regions: in silico study. Mobile DNA. 2019, roč. 10, č. 1, s. 1-14. ISSN 1759-8753. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1186/s1019-0186-z>.

prof. RNDr. Luděk Matyska, CSc.

CaverDock: a molecular docking-based tool to analyse ligand transport through protein tunnels and channels [Typ výsledku: Jimp]

VÁVRA, Ondřej, Jiří FILIPOVIČ, Jan PLHÁK, David BEDNÁŘ, Sérgio Manuel MARQUES, Jan BREZOVSKÝ, Jan ŠTOURÁČ, Luděk MATYSKA a Jiří DAMBORSKÝ. CaverDock: a molecular docking-based tool to analyse ligand transport through protein tunnels and channels. Bioinformatics. Oxford: Oxford University Press, 2019, roč. 35, č. 23, s. 4986-4993. ISSN 1367-4803. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btz386>.

CaverDock: A Novel Method for the Fast Analysis of Ligand Transport [Typ výsledku: Jimp]

FILIPOVIČ, Jiří, Ondřej VÁVRA, Jan PLHÁK, David BEDNÁŘ, Sérgio Manuel MARQUES, Jan BREZOVSKÝ, Luděk MATYSKA a Jiří DAMBORSKÝ. CaverDock: A Novel Method for the Fast Analysis of Ligand Transport. IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics. Los Alamitos: IEEE Computer Society, 2020, roč. 17, č. 5, s. 1625-1638. ISSN 1545-5963. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/TCBB.2019.2907492>.

Public (Health) Sector and Academia [Typ výsledku: C]

ANTOL, Matej, Michal RŮŽIČKA, Luděk MATYSKA a Jiří MAREK. Public (Health) Sector and Academia. In Martin Komenda. Data-Driven Decision-Making in Medical Education and Healthcare. First edition. Brno: Masaryk University, 2023, s. 51-66. Data Rulezzzz! ISBN 978-80-280-0392-0.

doc. Mgr. Radek Pelánek, Ph.D.

Beyond binary correctness: Classification of students' answers in learning systems [Typ výsledku: Jimp]

PELÁNEK, Radek a Tomáš EFFENBERGER. Beyond binary correctness: Classification of students' answers in learning systems. *User Modeling and User-Adapted Interaction*. Springer, 2020, roč. 30, č. 5, s. 867-893. ISSN 0924-1868. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s11257-020-09265-5>.

A Classification Framework for Practice Exercises in Adaptive Learning Systems [Typ výsledku: Jimp]

PELÁNEK, Radek. A Classification Framework for Practice Exercises in Adaptive Learning Systems. *IEEE Transactions on Learning Technologies*. 2020, roč. 13, č. 4, s. 734-747. ISSN 1939-1382. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/TLT.2020.302>

Measuring Similarity of Educational Items: An Overview [Typ výsledku: Jimp]

PELÁNEK, Radek. Measuring Similarity of Educational Items: An Overview. *IEEE Transactions on Learning Technologies*. 2020, roč. 13, č. 2, s. 354-366. ISSN 1939-1382. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/TLT.2019.2896086>.

Improving Learning Environments: Avoiding Stupidity Perspective [Typ výsledku: Jimp]

PELÁNEK, Radek a Tomáš EFFENBERGER. Improving Learning Environments: Avoiding Stupidity Perspective. *IEEE TRANSACTIONS ON LEARNING TECHNOLOGIES*. UNITED STATES: IEEE COMPUTER SOC, 2022, roč. 15, č. 1, s. 64-77. ISSN 1939-1382. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/TLT.2022.3154936>.

Managing items and knowledge components: domain modeling in practice [Typ výsledku: Jimp]

PELÁNEK, Radek. Managing items and knowledge components: domain modeling in practice. *Educational Technology Research and Development*. 2020, roč. 68, č. 1, s. 529-550. ISSN 1042-1629. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s11423-019-09716-w>.

prof. RNDr. Petr Skládal, CSc.

Advances in Optical Single-Molecule Detection: En Route to Supersensitive Bioaffinity Assays [Typ výsledku: Jimp]

FARKA, Zdeněk, Matthias Jürgen MICKERT, Matěj PASTUCHA, Zuzana MIKUŠOVÁ, Petr SKLÁDAL a Hans-Heiner GORRIS. *Advances in Optical Single-Molecule Detection: En Route to Supersensitive Bioaffinity Assays*. Angewandte Chemie International Edition. Weinheim: Wiley-VCH, 2020, roč. 59, č. 27, s. 10746-10773. ISSN 1433-7851. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/anie.201913924>.

Bioconjugates of photon-upconversion nanoparticles for cancer biomarker detection and imaging [Typ výsledku: Jimp]

HLAVÁČEK, Antonín, Zdeněk FARKA, Matthias Jürgen MICKERT, Uliana KOSTIV, Julian BRANDMEIER, Daniel HORÁK, Petr SKLÁDAL, František FORET a Hans-Heiner GORRIS. *Bioconjugates of photon-upconversion nanoparticles for cancer biomarker detection and imaging*. *Nature Protocols*. Springer Nature, 2022, roč. 17, April 2022, s. 1028-1072, 47 s. ISSN 1754-2189. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1038/s41596-021-00670-7>.

Smart bioelectronic tongues for food and drinks control [Typ výsledku: Jimp]

SKLÁDAL, Petr. *Smart bioelectronic tongues for food and drinks control*. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*. Oxford: Elsevier, 2020, roč. 127, JUN 2020, s. 1-10. ISSN 0165-9936. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.trac.2020.115887>.

Non-invasive electromechanical cell-based biosensors for improved investigation of 3D cardiac models [Typ výsledku: Jimp]

CALUORI, Guido, Jan PŘIBYL, Martin PEŠL, Šárka JELÍNKOVÁ, Vladimír ROTREKL, Petr SKLÁDAL a Roberto RAITERI. *Non-invasive electromechanical cell-based biosensors for improved investigation of 3D cardiac models*. *Biosensors & bioelectronics: the international journal for the professional involved with research, technology and applications of biosensors and related devices*. Elsevier Science, 2019, roč. 124, JAN 15 2019, s. 129-135. ISSN 0956-5663. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.bios.2018.10.021>.

A novel method for classification of wine based on organic acids [Typ výsledku: Jimp]

MILOVANOVIĆ, Miodrag, Jiří ŽERAVÍK, Michal OBOŘIL, Marta PELCOVÁ, Karel LACINA, Uros CAKAR, Aleksandar PETROVIC, Zdeněk GLATZ a Petr SKLÁDAL. *A novel method for classification of wine based on organic acids*. *Food Chemistry*. Elsevier Science, 2019, roč. 284, June, s. 296-302. ISSN 0308-8146. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.05.088>.

doc. RNDr. Radka Svobodová, Ph.D.

Mol* Viewer: modern web app for 3D visualization and analysis of large biomolecular structures [Typ výsledku: Jimp]

SEHNAL, David, S. BITTRICH, M. DESHPANDE, Radka SVOBODOVÁ, K. BERKA, V. BAZGIER, S. VELANKAR, S.K. BURLEY, Jaroslav KOČA a A.S. ROSE. *Mol* Viewer: modern web app for 3D visualization and analysis of large biomolecular structures*. *Nucleic acids research*. Oxford: Oxford University Press, 2021, roč. 49, W1, s. "W431"- "W437", 7 s. ISSN 0305-1048. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/nar/gkab314>.

Atomic Charge Calculator II: web-based tool for the calculation of partial atomic charges [Typ výsledku: Jimp]

RAČEK, Tomáš, Ondřej SCHINDLER, Dominik TOUŠEK, Vladimír HORSKÝ, Karel BERKA, Jaroslav KOČA a Radka SVOBODOVÁ. *Atomic Charge Calculator II: web-based tool for the calculation of partial atomic charges*. *Nucleic acids research*. Oxford: Oxford University Press, 2020, roč. 48, W1, s. "W591"- "W596", 6 s. ISSN 0305-1048. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/nar/gkaa367>.

doc. RNDr. David Šafránek, Ph.D.

Polyhydroxyalkanoates synthesis by halophiles and thermophiles: towards sustainable production of microbial bioplastics [Typ výsledku: Jimp]

OBRUČA, Stanislav, Pavel DVORÁK, Petr SEDLÁČEK, Martin KOLLER, Karel SEDLÁŘ, Iva PERNICOVÁ a David ŠAFRÁNEK. *Polyhydroxyalkanoates synthesis by halophiles and thermophiles: towards sustainable production of*

microbial bioplastics. *Biotechnology Advances*. Elsevier, 2022, roč. 58, September, s. 1-28. ISSN 0734-9750. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.biotechadv.2022.107906>.

Boolean network sketches: a unifying framework for logical model inference [Typ výsledku: Jimp]

BENEŠ, Nikola, Luboš BRIM, Ondřej HUVAR, Samuel PASTVA a David ŠAFRÁNEK. Boolean network sketches: a unifying framework for logical model inference. *Bioinformatics*. 2023, roč. 39, č. 4, s. "btad158", 8 s. ISSN 1367-4803. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btad158>.

Exploring attractor bifurcations in Boolean networks [Typ výsledku: Jimp]

BENEŠ, Nikola, Luboš BRIM, Jakub KADLECAJ, Samuel PASTVA a David ŠAFRÁNEK. Exploring attractor bifurcations in Boolean networks. *BMC Bioinformatics*. 2022, roč. 23, č. 173, s. 1-18. ISSN 1471-2105. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1186/s12859-022-04708-9>.

Digital Bifurcation Analysis of Internet Congestion Control Protocols [Typ výsledku: Jimp]

BENEŠ, Nikola, Luboš BRIM, Samuel PASTVA a David ŠAFRÁNEK. Digital Bifurcation Analysis of Internet Congestion Control Protocols. *International Journal of Bifurcation and Chaos*. 2020, roč. 30, č. 13, s. 2030038-2030055. ISSN 0218-1274. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1142/S0218127420300384>.

Computing Bottom SCCs Symbolically Using Transition Guided Reduction [Typ výsledku: D]

BENEŠ, Nikola, Luboš BRIM, Samuel PASTVA a David ŠAFRÁNEK. Computing Bottom SCCs Symbolically Using Transition Guided Reduction. Online. In Alexandra Silva, K. Rustan, M. Leino. *Computer Aided Verification - 33rd International Conference, CAV 2021*. Neueden: Springer Nature, 2021, s. 505-528. ISBN 978-3-030-81684-1. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-81685-8_24.

prof. RNDr. Jan Šmarda, CSc.

Disulfiram increases the efficacy of 5-fluorouracil in organotypic cultures of colorectal carcinoma [Typ výsledku: Jimp]

HENDRYCH, Michal, Kamila ŘÍHOVÁ, Barbora ADAMOVIČOVÁ, Vojtěch HRADIL, Marek STIBOREK, Petr VLČEK, Markéta HERMANOVÁ, Jana VAŠÍČKOVÁ, Petr BENEŠ, Jan ŠMARDA, Viktor KANICKÝ, Jan PREISLER a Jarmila NAVRÁTILOVÁ. Disulfiram increases the efficacy of 5-fluorouracil in organotypic cultures of colorectal carcinoma. *BIO-MEDICINE & PHARMACOTHERAPY*. Paris: ELSEVIER FRANCE-EDITIONS SCIENTIFIQUES MEDICALES ELSEVIER, 2022, roč. 153, September 2022, s. 1-15. ISSN 0753-3322. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.biopha.2022.113465>.

Lactic Acidosis Interferes With Toxicity of Perifosine to Colorectal Cancer Spheroids: Multimodal Imaging Analysis [Typ výsledku: Jimp]

PAVLATOVSKÁ, Barbora, Markéta MACHÁLKOVÁ, Petra BRISUDOVÁ, Adam PRUŠKA, Karel ŠTĚPKA, Jan MICHÁLEK, Tereza NEČASOVÁ, Petr BENEŠ, Jan ŠMARDA, Jan PREISLER, Michal KOZUBEK a Jarmila NAVRÁTILOVÁ. Lactic Acidosis Interferes With Toxicity of Perifosine to Colorectal Cancer Spheroids: Multimodal Imaging Analysis. *Frontiers in Oncology*. Lausanne: Frontiers Media S.A., 2020, roč. 10, December, s. 1-18. ISSN 2234-943X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3389/fonc.2020.581365>.

c-Myb interferes with inflammatory IL1alpha-NF-kappaB pathway in breast cancer cells [Typ výsledku: Jsc]

DÚČKA, Monika, Martina KUČERÍKOVÁ, Filip TRČKA, Jakub ČERVINKA, Elisabetta BIGLIERI, Jan ŠMARDA, Lubor BORSIG, Petr BENEŠ a Lucia KNOPFOVÁ. c-Myb interferes with inflammatory IL1alpha-NF-kappaB pathway in breast cancer cells. *Neoplasia*. New York: Elsevier Inc., 2021, roč. 23, č. 3, s. 326-336. ISSN 1476-5586. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.neo.2021.01.002>.

TACSTD2 upregulation is an early reaction to lung infection [Typ výsledku: Jimp]

LENÁRT, Sára, Peter LENÁRT, Lucia KNOPFOVÁ, Hana KOTASOVÁ, Vendula PELKOVÁ, Veronika SEDLÁKOVÁ, Ondřej VACEK, Jana POKLUDOVÁ, Vladimír ČAN, Jan ŠMARDA, Karel SOUČEK, Aleš HAMPL a Petr BENEŠ. TACSTD2 upregulation is an early reaction to lung infection. *Nature Scientific Reports*. London: NATURE RESEARCH, 2022, roč. 12, č. 1, s. 9583-9597. ISSN 2045-2322. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1038/s41598-022-13637-9>.

Transcription factor c-Myb: novel prognostic factor in osteosarcoma [Typ výsledku: Jimp]

ŘÍHOVÁ, Kamila, Monika DÚČKA, Iva STANICZKOVÁ ZAMBO, Ladislava VYMĚTALOVÁ, Martin ŠRÁMEK, Filip TRČKA, Jan VERNER, Stanislav DRÁPELA, Radek FEDR, Tereza SUCHÁNKOVÁ, Barbora PAVLATOVSKÁ, Eva ONDROUŠKOVÁ, Irena KUBELKOVÁ, Danica ZAPLETALOVÁ, Štěpán TUČEK, Peter MÚDRY, Dagmar ADÁMKOVÁ KRÁKOROVÁ, Lucia KNOPFOVÁ, Jan ŠMARDA, Karel SOUČEK, Lubor BORSIG a Petr BENEŠ. Transcription factor c-Myb: novel prognostic factor in osteosarcoma. *Clinical & Experimental Metastasis*. Springer, 2022, roč. 39, č. 2, s. 375-390. ISSN 0262-0898. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s10585-021-10145-4>.

prof. RNDr. Michaela Wimmerová, Ph.D.

Characterization of novel lectins from Burkholderia pseudomallei and Chromobacterium violaceum with seven-bladed beta-propeller fold [Typ výsledku: Jimp]

SÝKOROVÁ, Petra, Jitka NOVOTNÁ, Gabriel DEMO, Guillaume POMPIDOR, Eva DUBSKÁ, Jan KOMÁREK, Eva FUJDIAROVÁ, Josef HOUSER, Lucia HÁRONÍKOVÁ, Annabelle VARROT, Nadya SHILOVA, Anne IMBERTY, Nicolas BOVIN, Martina POKORNÁ a Michaela WIMMEROVÁ. Characterization of novel lectins from Burkholderia pseudomallei and Chromobacterium violaceum with seven-bladed beta-propeller fold. *International journal of biological macromolecules*. Amsterdam: Elsevier Science BV, 2020, roč. 152, JUN, s. 1113-1124. ISSN 0141-8130. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2019.10.200>.

Visualization of hydrogen atoms in a perdeuterated lectin-fucose complex reveals key details of protein-carbohydrate interactions [Typ výsledku: Jimp]

GAJDOŠ, Lukáš, Matthew P. BLAKELEY, Atul KUMAR, Michaela WIMMEROVÁ, Michaela HAERTLEIN, Trevor V. FORSYTH, Anne IMBERTY a Juliette M. DEVOS. Visualization of hydrogen atoms in a perdeuterated lectin-fucose complex reveals key details of protein-carbohydrate interactions. *Structure*. CAMBRIDGE: CELL PRESS, 2021, roč. 29, č. 9, s. "1003"-1013.e4", 15 s. ISSN 0969-2126. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.str.2021.03.003>.

Heptabladed b-propeller lectins PLL2 and PHL from *Photorhabdus* spp. recognize O-methylated sugars and influence the host immune system [Typ výsledku: Jimp]

FUJDIAROVÁ, Eva, Josef HOUSER, Pavel DOBEŠ, Gita PAULÍKOVÁ, Nikolaj KONDAKOV, Leonid KONONOV, Pavel HYRŠL a Michaela WIMMEROVÁ. Heptabladed b-propeller lectins PLL2 and PHL from *Photorhabdus* spp. recognize O-methylated sugars and influence the host immune system. *The FEBS Journal*. Hoboken: Wiley, 2021, roč. 288, č. 4, s. 1343-1365. ISSN 1742-464X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1111/febs.15457>.

The CH- π Interaction in Protein-Carbohydrate Binding: Bioinformatics and In Vitro Quantification [Typ výsledku: Jimp]

HOUSER, Josef, Stanislav KOZMON, Deepti MISHRA, Zuzana HAMMEROVÁ, Michaela WIMMEROVÁ a Jaroslav KOČA. The CH- π Interaction in Protein-Carbohydrate Binding: Bioinformatics and In Vitro Quantification. *Chemistry - A European Journal*. WEINHEIM: Wiley, 2020, roč. 26, č. 47, s. 10769-10780. ISSN 0947-6539. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/chem.202000593>.

Fucosylated inhibitors of recently identified bangle lectin from *Photorhabdus asymbiotica* [Typ výsledku: Jimp]

PAULÍKOVÁ, Gita, Josef HOUSER, Martina KASAKOVA, Beata OROSZOVA, Benedetta BERTOLOTTI, Kamil PARRKAN, Jitka MORAVCOVÁ a Michaela WIMMEROVÁ. Fucosylated inhibitors of recently identified bangle lectin from *Photorhabdus asymbiotica*. *Scientific reports*. LONDON: NATURE PUBLISHING GROUP, 2019, roč. 9, č. 1, s. 14904-14915. ISSN 2045-2322. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1038/s41598-019-51357-9>.

prof. RNDr. Jiří Barnat, Ph.D.

Reproducible execution of POSIX programs with DiOS [Typ výsledku: Jimp]

ROČKAI, Petr, Zuzana BARANOVÁ, Jan MRÁZEK, Katarína KEJSTOVÁ a Jiří BARNAT. Reproducible execution of POSIX programs with DiOS. *Software & Systems Modeling*. Springer, 2021, roč. 20, č. 2, s. 363-382. ISSN 1619-1366. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s10270-020-00837-y>.

DivSIM , an interactive simulator for LLVM bitcode [Typ výsledku: Jimp]

ROČKAI, Petr a Jiří BARNAT. DivSIM , an interactive simulator for LLVM bitcode. *INTERNATIONAL JOURNAL ON SOFTWARE TOOLS FOR TECHNOLOGY TRANSFER*. GERMANY: SPRINGER HEIDELBERG, 2022, roč. 24, č. 3, s. 493-510. ISSN 1433-2779. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s10009-022-00659-x>.

Fault-Tolerant and System-Wide Communication for Metamorphic Robots [Typ výsledku: D]

MRÁZEK, Jan, Vladimír CHLUP a Jiří BARNAT. Fault-Tolerant and System-Wide Communication for Metamorphic Robots. Online. In 2023 IEEE 19th International Conference on Automation Science and Engineering (CASE). Auckland, New Zealand: IEEE, 2023, s. 1-8. ISBN 979-8-3503-2069-5. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/CASE56687.2023.1026030>.

RoFIOS - Flexible Full-Stack Software Solution for Metamorphic Robots [Typ výsledku: D]

MRÁZEK, Jan a Jiří BARNAT. RoFIOS - Flexible Full-Stack Software Solution for Metamorphic Robots. Online. In 2023 IEEE 19th International Conference on Automation Science and Engineering (CASE). Auckland, New Zealand: IEEE, 2023, s. 1-8. ISBN 979-8-3503-2069-5. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/CASE56687.2023.10260586>.

Reconfiguring Metamorphic Robots via SMT: Is It a Viable Way? [Typ výsledku: D]

MRÁZEK, Jan, Martin JONÁŠ a Jiří BARNAT. Reconfiguring Metamorphic Robots via SMT: Is It a Viable Way?. Online. In 2021 IEEE/RSJ International Conference on Intelligent Robots and Systems (IROS). Prague: IEEE, 2021, s. 6935-6940. ISBN 978-1-6654-1714-3. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/IROS51168.2021.9636534>.

Mgr. Luděk Bártek, Ph.D.

Software pro práci s rámcem kvalifikací [Typ výsledku: R]

PITNER, Tomáš, Pavel LOUTOCKÝ, František KASL a Luděk BÁRTEK. Software pro práci s rámcem kvalifikací. 2022.

RNDr. Michal Batko, Ph.D.

Analytical Algebra: Extension of Relational Algebra [Typ výsledku: D]

PESCHEL, Jakub, Michal BATKO a Pavel ZEŽULA. Analytical Algebra: Extension of Relational Algebra. Online. In Strauss, C., Cuzzocrea, A., Kotsis, G., Tjoa, A.M., Khalil, I. 33rd International Conference on Database and Expert Systems Applications (DEXA). Cham: Springer International Publishing, 2022, s. 284-290. ISBN 978-3-031-12425-9. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-12426-6_25.

On Selection of Efficient Sequential Pattern Mining Algorithm Based on Characteristics of Data [Typ výsledku: D]

PESCHEL, Jakub, Michal BATKO a Pavel ZEŽULA. On Selection of Efficient Sequential Pattern Mining Algorithm Based on Characteristics of Data. Online. In 2022 IEEE International Symposium on Multimedia (ISM). Neuvenden: IEEE, 2022, s. 202-205. ISBN 978-1-6654-7173-2. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/ISM55400.2022.00044>.

FIMSIM: Discovering Communities By Frequent Item-Set Mining and Similarity Search [Typ výsledku: D]

PESCHEL, Jakub, Michal BATKO, Jakub VALČÍK, Jan SEDMIDUBSKÝ a Pavel ZEŽULA. FIMSIM: Discovering Communities By Frequent Item-Set Mining and Similarity Search. In 14th International Conference on Similarity Search

and Applications (SISAP). Cham: Springer International Publishing, 2021, s. 372-383. ISBN 978-3-030-89656-0. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-89657-7_28.

Algebra for Complex Analysis of Data [Typ výsledku: D]

PESCHEL, Jakub, Michal BATKO a Pavel ZEZULA. Algebra for Complex Analysis of Data. Online. In Hartmann S., Küng J., Kotsis G., Tjoa A.M., Khalil I. International Conference on Database and Expert Systems Applications. Cham: Springer International Publishing, 2020, s. 177-187. ISBN 978-3-030-59002-4. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-59003-1_12.

Techniques for Complex Analysis of Contemporary Data [Typ výsledku: D]

PESCHEL, Jakub, Michal BATKO a Pavel ZEZULA. Techniques for Complex Analysis of Contemporary Data. Online. In Wenbing Zhao. Proceedings of the 2020 International Conference on Pattern Recognition and Intelligent Systems. New York, NY, USA,: Association for Computing Machinery, 2020, s. 1-5. ISBN 978-1-4503-8769-9. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1145/3415048.3416097>.

RNDr. Mgr. Jaroslav Bayer

Systémový analytik CVT FI MU

doc. Ing. Michal Brandejs, CSc.

Test [Typ výsledku: J]

JAKUBÍK, Daniel, Miroslava KRAMÁREKOVÁ, Michal BRANDEJS a Lucie PEKÁRKOVÁ. Test. 2023.

doc. RNDr. Tomáš Brázdil, Ph.D.

Privacy risks of whole-slide image sharing in digital pathology [Typ výsledku: Jimp]

HOLUB, Petr, Heimo MÜLLER, Tomáš BÍL, Luca PIREDDU, Markus PLASS, Fabian PRASSER, Irene SCHLÜNDER, Kurt ZATLOUKAL, Rudolf NENUTIL a Tomáš BRÁZDIL. Privacy risks of whole-slide image sharing in digital pathology. Nature Communications. 2023, roč. 14, č. 2577, s. 1-15. ISSN 2041-1723. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1038/s41467-023-37991-y>.

Automated annotations of epithelial cells and stroma in hematoxylin — eosin-stained whole-slide images using cytokeratin re-staining [Typ výsledku: Jimp]

BRÁZDIL, Tomáš, Matej GALLO, Rudolf NENUTIL, Andrej KUBANDA, Martin TOUFAR a Petr HOLUB. Automated annotations of epithelial cells and stroma in hematoxylin — eosin-stained whole-slide images using cytokeratin re-staining. The Journal of Pathology: Clinical Research. 2022, roč. 8, č. 2, s. 129-142. ISSN 2056-4538. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/cjp2.249>.

Qualitative Controller Synthesis for Consumption Markov Decision Processes [Typ výsledku: D]

BLAHOUEK, František, Tomáš BRÁZDIL, Petr NOVOTNÝ, Melkior ORNIK, Pranay THANGEDA a Ufuk TOPCU. Qualitative Controller Synthesis for Consumption Markov Decision Processes. In Computer Aided Verification - 32nd International Conference, CAV 2020, Los Angeles, CA, USA, July 21-24, 2020, Proceedings, Part {II}. Cham: Springer, 2020, s. 421-447. ISBN 978-3-030-53290-1. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-53291-8_22.

Reinforcement Learning of Risk-Constrained Policies in Markov Decision Processes [Typ výsledku: D]

BRÁZDIL, Tomáš, Krishnendu CHATTERJEE, Petr NOVOTNÝ a Jiří VAHALA. Reinforcement Learning of Risk-Constrained Policies in Markov Decision Processes. Online. In The Thirty-Fourth AAAI Conference on Artificial Intelligence, AAAI 2020. Palo Alto, California, USA: AAAI Press, 2020, s. 9794-9801. ISBN 978-1-57735-823-7. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1609/aaai.v34i06.6531>.

Deciding Fast Termination for Probabilistic VASS with Nondeterminism [Typ výsledku: D]

BRÁZDIL, Tomáš, Krishnendu CHATTERJEE, Antonín KUČERA, Petr NOVOTNÝ a Dominik VELAN. Deciding Fast Termination for Probabilistic VASS with Nondeterminism. In Yu-Fang Chen, Chih-Hong Cheng, Javier Esparza. Automated Technology for Verification and Analysis - 17th International Symposium, ATVA 2019, Proceedings. Cham: Springer, 2019, s. 462-478. ISBN 978-3-030-31783-6. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-31784-3_27.

Mgr. Eva Budinská, Ph.D.

Heterogenous mutation spectrum and deregulated cellular pathways in aberrant plasma cells underline molecular pathology of light-chain amyloidosis [Typ výsledku: Jimp]

CHYRA, Zuzana, Tereza SEVIKOVA, Petr VOJTA, Janka PUTEROVÁ, Lucie KUBÍNOVÁ, Kateřina GROWKOVÁ, Jana FILIPOVA, Martina ZATOPKOVA, Sebastian GROSICKI, Agnieszka BARCHNICKA, Wieslaw WIKTOR-JEDRZEJCZAK, Anna WASZCZUK-GAJDA, Alexandra JUNGOVA, Aneta MIKULASOVA, Marian HAJDÚCH, Martin MOKREJŠ, Luděk POUR, Martin ŠTORK, Lubica HARVANOVA, Martin MISTRİK, Gabor MIKALA, Paweł ROBAK, Anna CZYZ, Jakub DEBSKI, Lidia USNARSKA-ZUBKIEWICZ, Artur JURCZYŠZYN, Lukas STEJSKAL, Gareth MORGAN, Fedor KRYUKOV, Eva BUDINSKÁ, Michal SIMICEK, Tomas JELINEK, Matous HRDINKA a Roman HAJEK. Heterogenous mutation spectrum and deregulated cellular pathways in aberrant plasma cells underline molecular pathology of light-chain amyloidosis. haematologica. Pavia: Ferrata-Storti Foundation, 2021, roč. 106, č. 2, s. 601-604. ISSN 0390-6078. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3324/haematol.2019.239756>.

Microbiome analysis and predicted relative metabolomic turnover suggest bacterial heme and selenium metabolism are altered in the gastrointestinal system of zebrafish (Danio rerio) exposed to the organochlorine dieldrin [Typ výsledku: Jimp]

HUA, Qing, Ondřej ADAMOVSÝ, Hana VESPALCOVÁ, Jonna BOYDA, Jordan T. SCHMIDT, Marianne KOZUCH, Serena L. M. CRAFT, Pamela E. GINN, Stanislav SMATANA, Eva BUDINSKÁ, Maria PERSICO, Joseph H., Jr. BISESI a Christopher J. MARTYNIUK. Microbiome analysis and predicted relative metabolomic turnover suggest bacterial heme and selenium metabolism are altered in the gastrointestinal system of zebrafish (Danio rerio) exposed to the

organochlorine dieldrin. *Environmental Pollution*. Elsevier Ltd., 2021, roč. 268, January 2021, s. 1-11. ISSN 0269-7491. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.envpol.2020.115715>.

Evaluation of Microbiome-Host Relationships in the Zebrafish Gastrointestinal System Reveals Adaptive Immunity Is a Target of Bis(2-ethylhexyl) Phthalate (DEHP) Exposure [Typ výsledku: Jimp]

ADAMOVSKÝ, Ondřej, Amanda N. BUERGER, Hana VESPALCOVÁ, Shahadur R. SOHAG, Amy T. HANLON, Pamela E. GINN, Serena L. CRAFT, Stanislav SMATANA, Eva BUDINSKÁ, Maria PERSICO, Joseph H., Jr. BISESI a Christopher J. MARTYNIUK. Evaluation of Microbiome-Host Relationships in the Zebrafish Gastrointestinal System Reveals Adaptive Immunity Is a Target of Bis(2-ethylhexyl) Phthalate (DEHP) Exposure. *Environmental Science & Technology*. Washington, D.C.: American Chemical Society, 2020, roč. 54, č. 9, s. 5719-5728. ISSN 0013-936X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1021/acs.est.0c00628>.

Trial watch : the gut microbiota as a tool to boost the clinical efficacy of anticancer immunotherapy [Typ výsledku: Jimp]

DAILLERE, Romain, Lisa DEROSA, Melodie BONVALET, Nicola SEGATA, Bertrand ROUTHY, Manuela GARIBOLDI, Eva BUDINSKÁ, I. Jolanda M. DE VRIES, Alessio Gordon NACCARATI, Valerie ZITVOGEL, Carlos CALDAS, Lars ENGSTRAND, Sibylle LOILBL, Jacques FIESCHI, Lucie HEINZLERLING, Guido KROEMER a Laurence ZITVOGEL. Trial watch : the gut microbiota as a tool to boost the clinical efficacy of anticancer immunotherapy. *Oncoimmunology*. Philadelphia: Taylor & Francis, 2020, roč. 9, č. 1, s. 1-8. ISSN 2162-402X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1080/2162402X.2020.177>

Breast Cancer Classification Based on Proteotypes Obtained by SWATH Mass Spectrometry [Typ výsledku: Jimp]

BOUCHAL, Pavel, Olga T. SCHUBERT, Jakub FAKTOR, Lenka ČÁPKOVÁ, Hana IMRICOVÁ, Karolína ZOUFALOVÁ, Vendula PÁRALOVÁ, Roman HRSTKA, Yansheng S. LIU, Holger A. EBHARDT, Eva BUDINSKÁ, Rudolf NENUTIL a Ruedi AEBERSOLD. Breast Cancer Classification Based on Proteotypes Obtained by SWATH Mass Spectrometry. *Cell Reports*. CAMBRIDGE: Cell Press, 2019, roč. 28, č. 3, s. "832"-843.e7", 20 s. ISSN 2211-1247. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.celrep.2019.06.046>.

prof. RNDr. Ivana Černá, CSc.

Timed Automata Robustness Analysis via Model Checking [Typ výsledku: Jimp]

BENDÍK, Jaroslav, Ahmet SENCAN, Ebru Aydin GOL a Ivana ČERNÁ. Timed Automata Robustness Analysis via Model Checking. *Logical Methods in Computer Science*. 2022, roč. 18, č. 3, s. 1-32. ISSN 1860-5974. Dostupné z: [https://dx.doi.org/10.46298/lmcs-18\(3:12\)2022](https://dx.doi.org/10.46298/lmcs-18(3:12)2022).

Tentacle-Based Shape Shifting of Metamorphic Robots Using Fast Inverse Kinematics [Typ výsledku: D]

MRÁZEK, Jan, Patrick ONDIKA, Ivana ČERNÁ a Jiří BARNAT. Tentacle-Based Shape Shifting of Metamorphic Robots Using Fast Inverse Kinematics. Online. In 2023 IEEE International Conference on Robotics and Automation (ICRA). London: IEEE, 2023, s. 11894-11900. ISBN 979-8-3503-2365-8. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/ICRA48891.2023.10>

Timed Automata Relaxation for Reachability [Typ výsledku: D]

BENDÍK, Jaroslav, Ahmet SENCAN, Ebru Aydin GOL a Ivana ČERNÁ. Timed Automata Relaxation for Reachability. In Friso Groote and Kim Guldstrand Larsen. 27th International Conference on Tools and Algorithms for the Construction and Analysis of Systems (TACAS'21). Part I vol. 12651. Heidelberg: Springer, 2021, s. 291-310. ISBN 978-3-030-72015-5. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-72016-2_16.

MUST: Minimal Unsatisfiable Subsets Enumeration Tool [Typ výsledku: D]

BENDÍK, Jaroslav a Ivana ČERNÁ. MUST: Minimal Unsatisfiable Subsets Enumeration Tool. In Armin Biere and David Parker. Tools and Algorithms for the Construction and Analysis of Systems. Neuvenden: Springer International Publishing, 2020, s. 135-152. ISBN 978-3-030-45189-9. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-45190-5_8.

Replication-Guided Enumeration of Minimal Unsatisfiable Subsets [Typ výsledku: D]

BENDÍK, Jaroslav a Ivana ČERNÁ. Replication-Guided Enumeration of Minimal Unsatisfiable Subsets. In Helmut Simonis. 26th International Conference on Principles and Practice of Constraint Programming. Neuvenden: Springer, Cham, 2020, s. 37-54. ISBN 978-3-030-58474-0. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-58475-7_3.

Mgr. Kateřina Dadáková, Ph.D.

Feedborne Mycotoxins Beauvericin and Enniatins and Livestock Animals [Typ výsledku: Jimp]

KŘÍŽOVÁ, Ludmila, Kateřina DADÁKOVÁ, Michaela DVOŘÁČKOVÁ a Tomáš KAŠPAROVSKÝ. Feedborne Mycotoxins Beauvericin and Enniatins and Livestock Animals. *Toxins*. Basel: MDPI, 2021, roč. 13, č. 1, s. 32-45. ISSN 2072-6651. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/toxins13010032>.

Health Beneficial Properties of Grapevine Seed Extract and Its Influence on Selected Biochemical Markers in the Blood, Liver and Kidneys of Rattus norvegicus [Typ výsledku: Jimp]

SOCHOROVÁ, Lenka, Mojmír BAROŇ, Kateřina DADÁKOVÁ, Tomáš KAŠPAROVSKÝ a Jiří SOCHOR. Health Beneficial Properties of Grapevine Seed Extract and Its Influence on Selected Biochemical Markers in the Blood, Liver and Kidneys of Rattus norvegicus. *Molecules*. MDPI, 2021, roč. 26, č. 7, s. 1-17. ISSN 1420-3049. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/molecules26072099>.

Production of Defense Phenolics in Tomato Leaves of Different Age [Typ výsledku: Jimp]

DADÁKOVÁ, Kateřina, Tereza HEINRICHOVÁ, Jan LOCHMAN a Tomáš KAŠPAROVSKÝ. Production of Defense Phenolics in Tomato Leaves of Different Age. *Molecules*. Basel: MDPI, 2020, roč. 25, č. 21, s. 1-9. ISSN 1420-3049. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/molecules25214952>.

Origin of Wine Lignans [Typ výsledku: Jimp]

DADÁKOVÁ, Kateřina, Lenka JURASOVÁ, Tomáš KAŠPAROVSKÝ, Božena PRŮŠOVÁ, Mojmir BAROŇ a Jiří SOCHOR. Origin of Wine Lignans. *Plant Foods for Human Nutrition*. DORDRECHT: SPRINGER, 2021, roč. 76, č. 4, s. 472-477. ISSN 0921-9668. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s11130-021-00928-1>.

Isoflavones [Typ výsledku: Jimp]

KŘÍŽOVÁ, Ludmila, Kateřina DADÁKOVÁ, Jitka KAŠPAROVSKÁ a Tomáš KAŠPAROVSKÝ. Isoflavones. *Molecules*. BASEL: Mayer und Muller, 2019, roč. 24, č. 6, s. 1-28. ISSN 1420-3049. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/molecules24061076>.

prof. RNDr. Jiří Doškař, CSc.

Staphylococcus epidermidis Phages Transduce Antimicrobial Resistance Plasmids and Mobilize Chromosomal Islands [Typ výsledku: Jimp]

FIŠAROVÁ, Lenka, Tibor BOTKA, Xin DU, Ivana MAŠLAŇOVÁ, Pavol BÁRDY, Roman PANTŮČEK, Martin BENEŠÍK, Pavel ROUDNICKÝ, Volker WINSTEL, Jesper LARSEN, Ralf ROSENSTEIN, Andreas PESCHEL a Jiří DOŠKAŘ. *Staphylococcus epidermidis Phages Transduce Antimicrobial Resistance Plasmids and Mobilize Chromosomal Islands*. mSphere. Washington, DC, USA: American Society for Microbiology, 2021, roč. 6, č. 3, s. 1-19. ISSN 2379-5042. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1128/mSphere.00223-21>.

Lytic and genomic properties of spontaneous host-range Kayvirus mutants prove their suitability for upgrading phage therapeutics against staphylococci [Typ výsledku: Jimp]

BOTKA, Tibor, Roman PANTŮČEK, Ivana MAŠLAŇOVÁ, Martin BENEŠÍK, Petr PETRÁŠ, Vladislava RŮŽIČKOVÁ, Pavla HAVLÍČKOVÁ, Marian VARGA, Helena ŽEMLIČKOVÁ, Ivana KOLÁČKOVÁ, Martina FLORIANOVÁ, Vladislav JAKUBŮ, Renata KARPÍŠKOVÁ a Jiří DOŠKAŘ. Lytic and genomic properties of spontaneous host-range Kayvirus mutants prove their suitability for upgrading phage therapeutics against staphylococci. *Scientific Reports*. London: Nature Publishing Group, 2019, roč. 9, č. 1, s. 5475-5486. ISSN 2045-2322. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1038/s41598-019-41868-w>.

Global Transcriptomic Analysis of Bacteriophage-Host Interactions between a Kayvirus Therapeutic Phage and Staphylococcus aureus [Typ výsledku: Jimp]

FINSTRLOVÁ, Adéla, Ivana MAŠLAŇOVÁ, Bob G. BLASDEL REUTER, Jiří DOŠKAŘ, Friedrich GÖTZ a Roman PANTŮČEK. Global Transcriptomic Analysis of Bacteriophage-Host Interactions between a Kayvirus Therapeutic Phage and *Staphylococcus aureus*. *Microbiology Spectrum*. Washington, DC: American Society for Microbiology, 2022, roč. 10, č. 3, s. 1-13, "e00123-22", 13 s. ISSN 2165-0497. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1128/spectrum.00123-22>.

Variability of resistance plasmids in coagulase-negative staphylococci and their importance as a reservoir of antimicrobial resistance [Typ výsledku: Jimp]

FIŠAROVÁ, Lenka, Roman PANTŮČEK, Tibor BOTKA a Jiří DOŠKAŘ. Variability of resistance plasmids in coagulase-negative staphylococci and their importance as a reservoir of antimicrobial resistance. *Research in Microbiology*. Amsterdam: Elsevier Science, 2019, roč. 170, č. 2, s. 105-111. ISSN 0923-2508. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.resmic.2018.11>

doc. Mgr. Pavel Dvořák, Ph.D.

Polyhydroxyalkanoates synthesis by halophiles and thermophiles: towards sustainable production of microbial bioplastics [Typ výsledku: Jimp]

OBRUČA, Stanislav, Pavel DVOŘÁK, Petr SEDLÁČEK, Martin KOLLER, Karel SEDLÁŘ, Iva PERNICOVÁ a David ŠAFRÁNEK. Polyhydroxyalkanoates synthesis by halophiles and thermophiles: towards sustainable production of microbial bioplastics. *Biotechnology Advances*. Elsevier, 2022, roč. 58, September, s. 1-28. ISSN 0734-9750. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.biotechadv.2022.107906>.

SEVA 4.0: an update of the Standard European Vector Architecture database for advanced analysis and programming of bacterial phenotypes [Typ výsledku: Jimp]

MARTÍNEZ-GARCÍA, Esteban, Sofía FRAILE, Elena ALGAR, Tomás APARICIO, Elena VELÁZQUEZ, Belén CALLES, Huseyin TAS, Blas BLÁZQUEZ, Bruno MARTÍN, Clara PRIETO, Lucas SÁNCHEZ-SAMPEDRO, Morten H H NØRHOLM, Daniel C VOLKE, Nicolas T WIRTH, Pavel DVOŘÁK, Lorea ALEJALDRE, Lewis GROZINGER, Matthew CROWTHER, Angel GOÑI-MORENO, Pablo I NIKEL, Juan NOGALES a Víctor DE LORENZO. SEVA 4.0: an update of the Standard European Vector Architecture database for advanced analysis and programming of bacterial phenotypes. *Nucleic Acids Research*. Oxford University Press, 2023, roč. 51, D1, s. "D1558"-D1567", 10 s. ISSN 0305-1048. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/nar/gkac1059>.

Biotransformation of d-xylose to d-xylonate coupled to medium-chain-length polyhydroxyalkanoate production in cellobiose-grown *Pseudomonas putida* EM42 [Typ výsledku: Jimp]

DVOŘÁK, Pavel, Jozef KOVÁČ a Víctor DE LORENZO. Biotransformation of d-xylose to d-xylonate coupled to medium-chain-length polyhydroxyalkanoate production in cellobiose-grown *Pseudomonas putida* EM42. *Microbial Biotechnology*. Wiley, 2020, roč. 13, č. 4, s. 1273-1283. ISSN 1751-7915. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1111/1751-7915.13574>.

An updated structural model of the A domain of the *Pseudomonas putida* XylR regulator poses an atypical interplay with aromatic effectors [Typ výsledku: Jimp]

DVOŘÁK, Pavel, Carlos ALVAREZ-CARREÑO, Sergio CIORDIA, Alberto PARADELA a Víctor DE LORENZO. An updated structural model of the A domain of the *Pseudomonas putida* XylR regulator poses an atypical interplay with aromatic effectors. *Environmental Microbiology*. Wiley, 2021, roč. 23, č. 8, s. 4418-4433. ISSN 1462-2912. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1111/1462-2920.15628>.

Surface Display of Designer Protein Scaffolds on Genome-Reduced Strains of *Pseudomonas putida* [Typ výsledku: Jimp]

DVOŘÁK, Pavel, Edward A. BAYER a Víctor DE LORENZO. Surface Display of Designer Protein Scaffolds on Genome-Reduced Strains of *Pseudomonas putida*. *ACS Synthetic Biology*. Washington, DC: American Chemical Society, 2020, roč. 9, č. 10, s. 2749-2764. ISSN 2161-5063. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1021/acssynbio.0c00276>.

RNDr. Veronika Eclerová, Ph.D.

Predictive performance of multi-model ensemble forecasts of COVID-19 across European nations [Typ výsledku: Jimp]

SHERRATT, Katharine, Hugo GRUSON, Rok GRAH, Helen JOHNSON, Rene NIEHUS, Bastian PRASSE, Frank SANDMANN, Jannik DEUSCHEL, Daniel WOLFFRAM, Sam ABBOTT, Alexander ULLRICH, Graham GIBSON, Evan L RAY, Nicholas G REICH, Daniel SHELDON, Yijin WANG, Nutch WATTANACHIT, Lijing WANG, Jan TRNKA, Guillaume OBOZINSKI, Tao SUN, Dorina THANOU, Loic POTTIER, Ekaterina KRYMOVA, Jan H MEINKE, Maria Vittoria BARBAROSSA, Neele LEITHÄUSER, Jan MOHRING, Johanna SCHNEIDER, Jaroslaw WŁAZŁO, Jan FUHRMANN, Berit LANGE, Isti RODIAH, Prasith BACCAM, Heidi GURUNG, Steven STAGE, Bradley SUCHOSKI, Jozef BUDZINSKI, Robert WALRAVEN, Inmaculada VILLANUEVA, Vit TUCEK, Martin SMID, Milan ZAJÍČEK, Cesar Pérez ÁLVAREZ, Borja REINA, Nikos I BOSSE, Sophie R MEAKIN, Lauren CASTRO, Geoffrey FAIRCHILD, Isaac MICHAUD, Dave OSTHUS, Pierfrancesco Alaimo Di LORO, Antonello MARUOTTI, Veronika ECLEROVÁ, Andrea KRAUS, David KRAUS, Lenka PŘIBYLOVÁ, Bertsimas DIMITRIS, Michael Lingzhi LI, Soni SAKSHAM, Jonas DEHNING, Sebastian MOHR, Viola PRIESEMANN, Grzegorz REDLARSKI, Benjamin BEJAR, Giovanni ARDENGHI, Nicola PAROLINI, Giovanni ZIARELLI, Wolfgang BOCK, Stefan HEYDER, Thomas HOTZ, David E SINGH, Miguel GUZMAN-MERINO, Jose L AZNARTE, David MORIÑA, Sergio ALONSO, Enric ÁLVAREZ, Daniel LÓPEZ, Clara PRATS, Jan Pablo BURGARD, Arne RODLOFF, Tom ZIMMERMANN, Alexander KUHLMANN, Janez ZIBERT, Fulvia PENNONI, Fabio DIVINO, Marti CATALÀ, Gianfranco LOVISON, Paolo GIUDICI, Barbara TARANTINO, Francesco BARTOLUCCI, Giovanna Jona LASINIO, Marco MINGIONE, Alessio FARCOMENI, Ajitesh SRIVASTAVA, Pablo MONTERO-MANSO, Aniruddha ADIGA, Benjamin HURT, Bryan LEWIS, Madhav MARATHE, Przemyslaw POREBSKI, Srinivasan VENKATRAMANAN, Rafal P BARTCZUK, Filip DREGER, Anna GAMBIN, Krzysztof GOGOLEWSKI, Magdalena GRUZIEL-SŁOMKA, Bartosz KRUPA, Antoni MOSZYŃSKI, Karol NIEDZIELEWSKI, Jędrzej NOWOSIELSKI, Maciej RADWAN, Franciszek RAKOWSKI, Marcin SEMENIUK, Ewa SZCZUREK, Jakub ZIELIŃSKI, Jan KISIELEWSKI, Barbara PABJAN, Holger KIRSTEN, Yuri KHEIFETZ, Markus SCHOLZ, Przemyslaw BIECEK, Marcin BODYCH, Maciej FILINSKI, Radoslaw IDZIKOWSKI, Tyll KRUEGER, Tomasz OZANSKI, Johannes BRACHER a Sebastian FUNK. Predictive performance of multi-model ensemble forecasts of COVID-19 across European nations. *eLife*. eLife Sciences Publications Ltd, 2023, roč. 12, April, s. 1-19. ISSN 2050-084X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.7554/eLife.81916>.

Embedding nonlinear systems with two or more harmonic phase terms near the Hopf — Hopf bifurcation [Typ výsledku: Jimp]

ECLEROVÁ, Veronika, Lenka PŘIBYLOVÁ a André E. BOTHA. Embedding nonlinear systems with two or more harmonic phase terms near the Hopf — Hopf bifurcation. *Nonlinear Dynamics*. Springer Nature B.V., 2023, roč. 111, č. 2, s. 1537-1551. ISSN 0924-090X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s11071-022-07906-5>.

Homeostatic model of human thermoregulation with bi-stability [Typ výsledku: Jimp]

ECLEROVÁ, Veronika, Filip ZLÁMAL, Peter LENÁRT a Julie DOBROVOLNÁ. Homeostatic model of human thermoregulation with bi-stability. *Nature Scientific Reports*. London: NATURE RESEARCH, 2021, roč. 11, č. 1, s. 1-8. ISSN 2045-2322. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1038/s41598-021-96280-0>.

Bifurcation manifolds in predator — prey models computed by Gröbner basis method [Typ výsledku: Jimp]

HAJNOVÁ, Veronika a Lenka PŘIBYLOVÁ. Bifurcation manifolds in predator — prey models computed by Gröbner basis method. *Mathematical Biosciences*. Amsterdam: Elsevier, 2019, roč. 312, JUN 2019, s. 1-7. ISSN 0025-5564. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.mbs.2019.03.008>.

MAMES — Monitoring, analýza a management epidemických situací [Typ výsledku: R]

PAVLÍK, Tomáš, Michal UHER, Martin KOMENDA, Lenka PŘIBYLOVÁ, Ondřej MÁJEK, Veronika HAJNOVÁ, Miloš HEJNÝ, Matěj KAROLYI, Petr PANOŠKA a Ladislav DUŠEK. MAMES — Monitoring, analýza a management epidemických situací. 2021.

doc. Mgr. Zdeněk Farka, Ph.D.

Advances in Optical Single-Molecule Detection: En Route to Supersensitive Bioaffinity Assays [Typ výsledku: Jimp]

FARKA, Zdeněk, Matthias Jürgen MICKERT, Matěj PASTUCHA, Zuzana MIKUŠOVÁ, Petr SKLÁDAL a Hans-Heiner GORRIS. *Advances in Optical Single-Molecule Detection: En Route to Supersensitive Bioaffinity Assays*. Angewandte Chemie International Edition. Weinheim: Wiley-VCH, 2020, roč. 59, č. 27, s. 10746-10773. ISSN 1433-7851. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/anie.201913924>.

Bioconjugates of photon-upconversion nanoparticles for cancer biomarker detection and imaging [Typ výsledku: Jimp]

HLAVÁČEK, Antonín, Zdeněk FARKA, Matthias Jürgen MICKERT, Uliana KOSTIV, Julian BRANDMEIER, Daniel HORÁK, Petr SKLÁDAL, František FORET a Hans-Heiner GORRIS. Bioconjugates of photon-upconversion nanoparticles for cancer biomarker detection and imaging. *Nature Protocols*. Springer Nature, 2022, roč. 17, April 2022, s. 1028-1072, 47 s. ISSN 1754-2189. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1038/s41596-021-00670-7>.

Atomic force microscopy and surface plasmon resonance for real-time single-cell monitoring of bacteriophage-mediated lysis of bacteria [Typ výsledku: Jimp]

OBOŘILOVÁ, Radka, Hana ŠIMEČKOVÁ, Matěj PASTUCHA, Šimon KLIMOVIČ, Ivana VÍŠOVÁ, Jan PŘIBYL, Hana VAISOCHEROVÁ-LÍSALOVÁ, Roman PANTUČEK, Petr SKLÁDAL, Ivana MAŠLAŇOVÁ a Zdeněk FARKA. Atomic force microscopy and surface plasmon resonance for real-time single-cell monitoring of bacteriophage-mediated lysis

of bacteria. *Nanoscale*. Cambridge: Royal Society of Chemistry, 2021, roč. 13, č. 31, s. 13538-13549. ISSN 2040-3364. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1039/D1NR02921E>.

Surface design of photon-upconversion nanoparticles for high-contrast immunocytochemistry [Typ výsledku: Jimp]

FARKA, Zdeněk, Matthias Jürgen MICKERT, Zuzana MIKUŠOVÁ, Antonín HLAVÁČEK, Pavla BOUCHALOVÁ, Wen-shu XU, Pavel BOUCHAL, Petr SKLÁDAL a Hans-Heiner GORRIS. Surface design of photon-upconversion nanoparticles for high-contrast immunocytochemistry. *Nanoscale*. Cambridge: Royal Society of Chemistry, 2020, roč. 12, č. 15, s. 8303-8313. ISSN 2040-3364. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1039/C9NR10568A>.

Influence of Label and Solid Support on the Performance of Heterogeneous Immunoassays [Typ výsledku: Jimp]

MAKHNEVA, Ekaterina, Dorota SKLENÁROVÁ, Julian BRANDMEIER, Antonín HLAVÁČEK, Hans-Heiner GORRIS, Petr SKLÁDAL a Zdeněk FARKA. Influence of Label and Solid Support on the Performance of Heterogeneous Immunoassays. *Analytical Chemistry*. Washington, DC: American Chemical Society, 2022, roč. 94, č. 47, s. 16376-16383. ISSN 0003-2700. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1021/acs.analchem.2c03543>.

Mgr. Tomáš Foltýnek, Ph.D.

ENAI Recommendations on the ethical use of Artificial Intelligence in Education [Typ výsledku: Jost]

FOLTÝNEK, Tomáš, Sonja BJELOBABA, Irene GLENDINNING, Zeenat Reza KHAN, Rita SANTOS, Pegi PAVELTIC a Július KRAVJAR. ENAI Recommendations on the ethical use of Artificial Intelligence in Education. *International Journal for Educational Integrity*. Springer, 2023, roč. 19, č. 1, s. 1-4. ISSN 1833-2595. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s40979-023-00133-4>.

Testing of detection tools for AI-generated text [Typ výsledku: Jimp]

WEBER-WULFF, Dora, Alla ANOHINA-NAUMECA, Sonja BJELOBABA, Tomáš FOLTÝNEK, Jean GUERRERO-DIB, Olumide POPOOLA, Petr ŠIGUT a Lorna WADDINGTON. Testing of detection tools for AI-generated text. *International Journal for Educational Integrity*. 2023, roč. 19, č. 26, s. 1-39. ISSN 1833-2595. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s40979-023-00146-z>.

Academic Integrity in Czechia and Slovakia [Typ výsledku: C]

FOLTÝNEK, Tomáš, Veronika KRÁSNIČAN a Dita DLABOLOVÁ. Academic Integrity in Czechia and Slovakia. In Sarah Elaine Eaton. *Second Handbook of Academic Integrity*. Singapore: Springer Cham, 2024, s. 1-19. ISBN 978-3-031-54143-8. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-54144-5_86.

European Cooperation in Academic Integrity [Typ výsledku: C]

FOLTÝNEK, Tomáš a Irene GLENDINNING. European Cooperation in Academic Integrity. In Sarah Elaine Eaton. *Second Handbook of Academic Integrity*. Singapore: Springer Cham, 2024, s. 1-15. ISBN 978-3-031-54143-8. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-54144-5_176.

Limitations of contract cheating research [Typ výsledku: C]

KRÁSNIČAN, Veronika, Tomáš FOLTÝNEK a Dita DLABOLOVÁ. Limitations of contract cheating research. In Sarah Elaine Eaton, Guy J. Curtis, Brenda M. Stoesz, Joseph Clare, Kiata Rundle, Josh Seeland. *Contract Cheating in Higher Education: Global Perspectives on Theory, Practice, and Policy*. Cham: Springer International Publishing, 2022, s. 29-42. ISBN 978-3-031-12679-6. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-12680-2_3.

Níže uvedené publikace nejsou v IS MU, jelikož pocházejí z doby, kdy jsem nebyl na MU.

Foltýnek, T., Meuschke, N., & Gipp, B. (2019). Academic Plagiarism Detection: A Systematic Literature Review. *ACM Computing Surveys*, 52(6), 112:1–112:42. <https://doi.org/10.1145/3345317>. IF 6.131; Q1 (2018)

Foltýnek, T., Dlabolová, D., Anohina-Naumecca, A., Razi, S., Kravjar, J., Kamzola, L., ... Weber-Wulff, D. (2020). Testing of support tools for plagiarism detection. *International Journal of Educational Technology in Higher Education*, 17(1), 46. <https://doi.org/10.1186/s41239-020-00192-4> IF 3.080; Q1 (2019)

Králíková, V., Vajdíková, R., & Foltýnek, T. (2019). Global essay mills survey: Is student cheating related to the national economy? *Ethical Perspectives*, 26(1), 91 – 118. <https://doi.org/10.2143/EP.26.1.3286290>. IF 0.256; Q4 (2018)

Foltýnek, T., Všianský, R., Meuschke, N., Dlabolová, D., & Gipp, B. (2020). Cross-Language Source Code Plagiarism Detection Using Explicit Semantic Analysis and Scored Greedy String Tiling. In *Proceedings of the ACM/IEEE Joint Conference on Digital Libraries in 2020* (pp. 523 – 524). New York, NY, USA: Association for Computing Machinery. <https://doi.org/10.1145/3383583.3398594>. CORE A*

Wahle, J.P., Ruas, T., Foltýnek, T., Meuschke, N., Gipp, B. (2022). Identifying Machine-Paraphrased Plagiarism. In: Smits, M. (eds) *Information for a Better World: Shaping the Global Future*. iConference 2022. Lecture Notes in Computer Science, vol 13192. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-96957-8_34

Mgr. Pavel Francírek, Ph.D.

Annihilators of the Ideal Class Group of an Imaginary Abelian Number Field [Typ výsledku: Jimp]

FRANČÍREK, Pavel a Radan KUČERA. Annihilators of the Ideal Class Group of an Imaginary Abelian Number Field. *MICHIGAN MATHEMATICAL JOURNAL*. UNITED STATES: MICHIGAN MATHEMATICAL JOURNAL, 2023. ISSN 0026-2285. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1307/mmj/20226190>.

Annihilators of the ideal class group of an imaginary cyclic field [Typ výsledku: Jimp]

FRANČÍREK, Pavel. Annihilators of the ideal class group of an imaginary cyclic field. *Journal of Number Theory*. Academic Press, 2020, roč. 213, August, s. 187-220. ISSN 0022-314X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jnt.2019.12.003>.

doc. RNDr. Eva Hladká, Ph.D.

2DProts: database of family-wide protein secondary structure diagrams [Typ výsledku: Jimp]

HUTAŘOVÁ VAŘEKOVÁ, Ivana, Jan HUTAŘ, Adam MIDLIK, Vladimír HORSKÝ, Eva HLADKÁ, Radka SVOBODOVÁ a Karel BERKA. 2DProts: database of family-wide protein secondary structure diagrams. Bioinformatics. Oxford University Press, 2021, roč. 37, č. 23, s. 4599-4601. ISSN 1367-4803. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btab505>.

prof. RNDr. Petr Hliněný, Ph.D.

Clique-Width of Point Configurations [Typ výsledku: Jimp]

CAGIRICI, Onur, Petr HLINĚNÝ, Filip POKRÝVKA a Abhisekh SANKARAN. Clique-Width of Point Configurations. Journal of Combinatorial Theory, Ser B. Amsterdam: Elsevier B.V., 2023, roč. 158, č. 1, s. 43-73. ISSN 0095-8956. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jctb.2021.09.001>.

Toroidal grid minors and stretch in embedded graphs [Typ výsledku: Jimp]

CHIMANI, Markus, Petr HLINĚNÝ a Gelasio SALAZAR. Toroidal grid minors and stretch in embedded graphs. JOURNAL OF COMBINATORIAL THEORY SERIES B. SAN DIEGO: ACADEMIC PRESS INC ELSEVIER SCIENCE, 2020, roč. 140, č. 1, s. 323-371. ISSN 0095-8956. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jctb.2019.05.009>.

Bounded degree conjecture holds precisely for c-crossing-critical graphs with $c \leq 12$ [Typ výsledku: Jimp]

BOKAL, Drago, Zdeněk DVOŘÁK, Petr HLINĚNÝ, Jesus LEANOS, Bojan MOHAR a Tilo WIEDERA. Bounded degree conjecture holds precisely for c-crossing-critical graphs with $c \leq 12$. COMBINATORICA. GERMANY: SPRINGER HEIDELBERG, 2022, roč. 42, č. 5, s. 701-728. ISSN 0209-9683. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s00493-021-4285-3>.

Twin-width of Planar Graphs is at most 8, and at most 6 when Bipartite Planar [Typ výsledku: D]

HLINĚNÝ, Petr a Jan JEDELSKÝ. Twin-width of Planar Graphs is at most 8, and at most 6 when Bipartite Planar. Online. In Etessami, Kousha and Feige, Uriel and Puppis, Gabriele. 50th International Colloquium on Automata, Languages, and Programming (ICALP 2023). Dagstuhl, Germany: Schloss Dagstuhl – Leibniz-Zentrum für Informatik, 2023, s. "75:1"-75:18", 18 s. ISBN 978-3-95977-278-5. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.4230/LIPIcs.ICALP.2023.75>.

Clique-Width of Point Configurations [Typ výsledku: D]

CAGIRICI, Onur, Petr HLINĚNÝ, Filip POKRÝVKA a Abhisekh SANKARAN. Clique-Width of Point Configurations. In Graph-Theoretic Concepts in Computer Science, WG 2020. Cham: Springer, Lecture Notes in Computer Science, 2020, s. 54-66. ISBN 978-3-030-60439-4. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-60440-0_5.

doc. RNDr. Aleš Horák, Ph.D.

Information Extraction from Scanned Invoice Images using Text Analysis and Layout Features [Typ výsledku: Jimp]

HA, Hien Thi a Aleš HORÁK. Information Extraction from Scanned Invoice Images using Text Analysis and Layout Features. Signal Processing: Image Communication. Elsevier, 2022, roč. 102, č. 1, s. 1-11. ISSN 0923-5965. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.image.2021.116601>.

Hyperintensional Reasoning based on Natural Language Knowledge Base [Typ výsledku: Jimp]

DUŽÍ, Marie a Aleš HORÁK. Hyperintensional Reasoning based on Natural Language Knowledge Base. International Journal of Uncertainty, Fuzziness and Knowledge-Based Systems. World Scientific Publishing Company, 2020, roč. 28, č. 3, s. 443-468. ISSN 0218-4885. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1142/S021848852050018X>.

A New Approach for Semi-automatic Building and Extending a Multilingual Terminology Thesaurus [Typ výsledku: Jimp]

RAMBOUSEK, Adam, Aleš HORÁK, Vít BAISA a Vít SUCHOMEL. A New Approach for Semi-automatic Building and Extending a Multilingual Terminology Thesaurus. International Journal on Artificial Intelligence Tools. USA: World Scientific Publishing, 2019, roč. 28, č. 2, s. 1-21. ISSN 0218-2130. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1142/S0218213019500088>.

Deep Learning Analysis of Polish Electronic Health Records for Diagnosis Prediction in Patients with Cardiovascular Diseases [Typ výsledku: Jimp]

ANETTA, Krištof, Aleš HORÁK, Tomasz JADCZYK, Wojciech WOJAKOWSKI a Krystian WITA. Deep Learning Analysis of Polish Electronic Health Records for Diagnosis Prediction in Patients with Cardiovascular Diseases. Journal of Personalized Medicine. Basel: MDPI, 2022, roč. 12, č. 6, s. 1-17. ISSN 2075-4426. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/jpm120608>.

Contract Metadata Identification in Czech Scanned Documents [Typ výsledku: D]

HA, Hien Thi, Aleš HORÁK a BUI MINH TUAN. Contract Metadata Identification in Czech Scanned Documents. Online. In Ana Paula Rocha ; Luc Steels and Jaap van den Herik. Proceedings of the 13th International Conference on Agents and Artificial Intelligence - Volume 2: ICAART. Portugal: The SciTePress Digital Library, 2021, s. 795-802. ISBN 978-989-758-484-8. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.5220/0010243807950802>.

Mgr. Josef Houser, Ph.D.

Crucial factors governing the electrochemical impedance on protein-modified surfaces [Typ výsledku: Jimp]

SOPOUŠEK, Jakub, Jakub VĚŽNÍK, Josef HOUSER, Petr SKLÁDAL a Karel LACINA. Crucial factors governing the electrochemical impedance on protein-modified surfaces. Electrochimica Acta. OXFORD: Elsevier, 2021, roč. 388, AUG, s. 138616-138622. ISSN 0013-4686. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.electacta.2021.138616>.

Characterization of novel lectins from Burkholderia pseudomallei and Chromobacterium violaceum with seven-bladed beta-propeller fold [Typ výsledku: Jimp]

SÝKOROVÁ, Petra, Jitka NOVOTNÁ, Gabriel DEMO, Guillaume POMPIDOR, Eva DUBSKÁ, Jan KOMÁREK, Eva FUJDIAROVÁ, Josef HOUSER, Lucía HÁRONÍKOVÁ, Annabelle VARROT, Nadya SHILOVA, Anne IMBERTY, Nicolai BOVIN, Martina POKORNÁ a Michaela WIMMEROVÁ. Characterization of novel lectins from Burkholderia pseudomallei and Chromobacterium violaceum with seven-bladed beta-propeller fold. International journal of biological macromolecules. Amsterdam: Elsevier Science BV, 2020, roč. 152, JUN, s. 1113-1124. ISSN 0141-8130. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2019.10.200>.

Heptabladed b-propeller lectins PLL2 and PHL from Photorhabdus spp. recognize O-methylated sugars and influence the host immune system [Typ výsledku: Jimp]

FUJDIAROVÁ, Eva, Josef HOUSER, Pavel DOBEŠ, Gita PAULÍKOVÁ, Nikolaj KONDAKOV, Leonid KONONOV, Pavel HYRŠL a Michaela WIMMEROVÁ. Heptabladed b-propeller lectins PLL2 and PHL from Photorhabdus spp. recognize O-methylated sugars and influence the host immune system. The FEBS Journal. Hoboken: Wiley, 2021, roč. 288, č. 4, s. 1343-1365. ISSN 1742-464X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1111/febs.15457>.

Phosphorylated and Phosphomimicking Variants May Differ—A Case Study of 14-3-3 Protein [Typ výsledku: Jimp]

KOZELEKOVÁ, Aneta, Alexandra NÁPLAVOVÁ, Tomáš BROM, Norbert GAŠPARIK, Jan ŠIMEK, Josef HOUSER a Jozef HRITZ. Phosphorylated and Phosphomimicking Variants May Differ—A Case Study of 14-3-3 Protein. Frontiers in Chemistry. Frontiers Media SA, 2022, roč. 10, March, s. 1-17. ISSN 2296-2646. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3389/fchem.2022>.

The CH- π Interaction in Protein-Carbohydrate Binding: Bioinformatics and In Vitro Quantification [Typ výsledku: Jimp]

HOUSER, Josef, Stanislav KOZMON, Deepti MISHRA, Zuzana HAMMEROVÁ, Michaela WIMMEROVÁ a Jaroslav KOČA. The CH- π Interaction in Protein-Carbohydrate Binding: Bioinformatics and In Vitro Quantification. Chemistry - A European Journal. WEINHEIM: Wiley, 2020, roč. 26, č. 47, s. 10769-10780. ISSN 0947-6539. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/chem.202000593>.

RNDr. Jan Kasprzak, Ph.D.

Centrum výpočetní techniky — Fakulta informatiky

Pracovní zařazení: specialista senior

Mgr. David Kruml, Ph.D.

On the Coextension of Cut-Continuous Pomonoids [Typ výsledku: Jimp]

KRUMML, David, Jan PASEKA a Thomas VETTERLEIN. On the Coextension of Cut-Continuous Pomonoids. ORDER-A JOURNAL ON THE THEORY OF ORDERED SETS AND ITS APPLICATIONS. DORDRECHT: SPRINGER, 2019, roč. 36, č. 2, s. 271-290. ISSN 0167-8094. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s11083-018-9466-3>.

Linear orthogonality spaces as a new approach to quantum logic [Typ výsledku: D]

EMIR, Kadir, David KRUMML, Jan PASEKA a Thomas VETTERLEIN. Linear orthogonality spaces as a new approach to quantum logic. In 2021 IEEE International Symposium on Multiple-Valued Logic (ISMVL 2021). Los Alamitos: IEEE Computer Society, 2021, s. 33-38. ISBN 978-1-7281-9225-3. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/ISMVL51352.2021.00015>.

Quantile Based Summation of Random Variables [Typ výsledku: D]

EMIR, Kadir, David KRUMML, Jan PASEKA a Iveta SELINGEROVÁ. Quantile Based Summation of Random Variables. Online. In Radko Mesiar; Marek Reformat; Martin Štěpnička; Petr Hurtik. Joint Proceedings of the 19th World Congress of the International Fuzzy Systems Association (IFSA), the 12th Conference of the European Society for Fuzzy Logic and Technology (EUSFLAT), and the 11th International Summer School on Aggregation Operators (AGOP). Paris: Atlantis Press, 2021, s. 523-529. ISBN 978-94-6239-423-0. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.2991/asum.k.210827.069>.

A simplified probabilistic validation of production flows [Typ výsledku: D]

EMIR, Kadir, David KRUMML, Jan PASEKA a Iveta SELINGEROVÁ. A simplified probabilistic validation of production flows. In Bruzzone, De Felice, Dias, Massei and Solis. Proceedings of 18th International Conference on Modeling and Applied Simulation. GENOVA, ITALY: DIME UNIVERSITY OF GENOA, 2019, s. 166-173. ISBN 978-88-85741-29-4.

Nuclei and conuclei on Girard posets [Typ výsledku: D]

PASEKA, Jan a David KRUMML. Nuclei and conuclei on Girard posets. Online. In Vilém Novák, Vladimír Mařík, Martin Štěpnička, Mirko Navara, Petr Hurtik. Atlantis Studies in Uncertainty Modelling, volume 1. Neuveden: Atlantis Press, 2019, s. 289-296. ISBN 978-94-6252-770-6. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.2991/eusflat-19.2019.42>.

RNDr. Petr Kulhánek, Ph.D.

Importance of base-pair opening for mismatch recognition [Typ výsledku: Jimp]

BOUCHAL, Tomáš, Ivo DURNÍK, Viktor ILLÍK, Kamila RÉBLOVÁ a Petr KULHÁNEK. Importance of base-pair opening for mismatch recognition. Nucleic Acids Research. Oxford University Press, 2020, roč. 48, č. 20, s. 11322-11334. ISSN 0305-1048. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/nar/gkaa896>.

Bending of Canonical and G/T Mismatched DNAs [Typ výsledku: Jimp]

BOUCHAL, Tomáš, Ivo DURNÍK a Petr KULHÁNEK. Bending of Canonical and G/T Mismatched DNAs. Journal of Chemical Information and Modeling. American Chemical Society, 2021, roč. 61, č. 12, s. 6000-6011. ISSN 1549-9596. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1021/acs.jcim.1c00731>.

Modes of Micromolar Host-Guest Binding of beta-Cyclodextrin Complexes Revealed by NMR Spectroscopy in Salt Water [Typ výsledku: Jimp]

TOMEČEK, Josef, Andrea ČABLOVÁ, Aneta HROMÁDKOVÁ, Jan NOVOTNÝ, Radek MAREK, Ivo DURNÍK, Petr KULHÁNEK, Zdeňka PRUCKOVÁ, Michal ROUCHAL, Lenka DASTYCHOVÁ a Robert VÍCHA. Modes of Micromolar

Host-Guest Binding of beta-Cyclodextrin Complexes Revealed by NMR Spectroscopy in Salt Water. *The Journal of Organic Chemistry*. American Chemical Society, 2021, roč. 86, č. 6, s. 4483-4496. ISSN 0022-3263. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1021/acs.joc.0c02917>.

Bending of DNA duplexes with mutation motifs [Typ výsledku: Jimp]

RŮŽIČKA, Michal, Přemysl SOUČEK, Petr KULHÁNEK, Lenka RADOVÁ, L. FAJKUSOVA a Kamila RÉBLOVÁ. Bending of DNA duplexes with mutation motifs. *DNA RESEARCH*. OXFORD: OXFORD UNIV PRESS, 2019, roč. 26, č. 4, s. 341-352. ISSN 1340-2838. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/dnares/dsz013>.

A Photochemical/Thermal Switch Based on 4,4'-Bis(benzimidazolio)stilbene: Synthesis and Supramolecular Properties. [Typ výsledku: Jimp]

KULKARNI, Shantanu Ganesh, Kristýna JELÍNKOVÁ, Marek NEČAS, Zdeňka PRUCKOVÁ, Michal ROUCHAL, Lenka DASTYCHOVÁ, Petr KULHÁNEK a Robert VÍCHA. A Photochemical/Thermal Switch Based on 4,4'-Bis(benzimidazolio)stilbene: Synthesis and Supramolecular Properties. *ChemPhysChem*. Weinheim: Wiley, 2020, roč. 21, č. 18, s. 2084-2095. ISSN 1439-4235. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/cphc.202000472>.

Mgr. Roman Lacko

TPMScan: A wide-scale study of security-relevant properties of TPM 2.0 chips [Typ výsledku: D]

ŠVENDA, Petr, Antonín DUFKA, Milan BROŽ, Roman LACKO, Tomáš JAROŠ, Daniel ZAŤOVIČ a Josef POSPISIL. TPMScan: A wide-scale study of security-relevant properties of TPM 2.0 chips. Online. In *IACR Transactions on Cryptographic Hardware and Embedded Systems*. Bochum: Ruhr-University of Bochum, 2024, s. 714-734. ISSN 2569-2925. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.46586/tches.v2024.i2.714-734>.

Mgr. Lenka Malinovská, Ph.D.

Amphiphilic Sialic Acid Derivatives as Potential Dual-Specific Inhibitors of Influenza Hemagglutinin and Neuraminidase [Typ výsledku: Jimp]

LÖRINCZ, Eszter Boglárka, Mihály HERCZEG, Josef HOUSER, Martina RIEVAJOVÁ, Ákos KUKI, Lenka MALINOVSKÁ, Lieve NAESENS, Michaela WIMMEROVÁ, Anikó BORBÁS, Pál HERCZEGH a Ilona BEREZCKI. Amphiphilic Sialic Acid Derivatives as Potential Dual-Specific Inhibitors of Influenza Hemagglutinin and Neuraminidase. *International Journal of Molecular Sciences*. MDPI, 2023, roč. 24, č. 24, s. 1-23. ISSN 1661-6596. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/ijms242417268>.

Synthesis of Tetraivalent Thio- and Selenogalactoside-Presenting Galactoclusters and Their Interactions with Bacterial Lectin PA-IL from *Pseudomonas aeruginosa* [Typ výsledku: Jimp]

ILLYÉS, Tünde Zita, Lenka MALINOVSKÁ, Erzsébet RÓTH, Boglárka TÓTH, Bence FARKAS, Marek KORSÁK, Michaela WIMMEROVÁ, Katalin E. KÖVÉR a Magdolna CSÁVÁS. Synthesis of Tetraivalent Thio- and Selenogalactoside-Presenting Galactoclusters and Their Interactions with Bacterial Lectin PA-IL from *Pseudomonas aeruginosa*. *Molecules*. Basel: MDPI, 2021, roč. 26, č. 3, s. "542-1"-542-11", 11 s. ISSN 1420-3049. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/molecules260>

Synthesis of beta-D-galactopyranoside-Presenting Glycoclusters, Investigation of Their Interactions with *Pseudomonas aeruginosa* Lectin A (PA-IL) and Evaluation of Their Anti-Adhesion Potential [Typ výsledku: Jimp]

MALINOVSKÁ, Lenka, Son THAI LE, Mihály HERCZEG, Michaela VAŠKOVÁ, Josef HOUSER, Eva FUJDIAROVÁ, Jan KOMÁREK, Petr HODEK, Anikó BORBÁS, Michaela WIMMEROVÁ a Magdolna CSÁVÁS. Synthesis of beta-D-galactopyranoside-Presenting Glycoclusters, Investigation of Their Interactions with *Pseudomonas aeruginosa* Lectin A (PA-IL) and Evaluation of Their Anti-Adhesion Potential. *Biomolecules*. MDPI, 2019, roč. 9, č. 11, s. 686-707. ISSN 2218-273X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/biom9110686>.

Newly identified DNA methyltransferases of *Ixodes ricinus* ticks [Typ výsledku: Jimp]

KOTSARENKO, Kateryna, Pavlina VECHTOVA, Zuzana HAMMEROVÁ, Natália LANGOVÁ, Lenka MALINOVSKÁ, Michaela WIMMEROVÁ, Jan STERBA a Libor GRUBHOFFER. Newly identified DNA methyltransferases of *Ixodes ricinus* ticks. *Ticks and Tick-borne Diseases*. Munich: Elsevier GmbH, 2020, roč. 11, č. 2, s. 101348-101357. ISSN 1877-959X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.101348>.

Microscopy examination of red blood and yeast cell agglutination induced by bacterial lectins [Typ výsledku: Jimp]

MRÁZKOVÁ, Jana, Lenka MALINOVSKÁ a Michaela WIMMEROVÁ. Microscopy examination of red blood and yeast cell agglutination induced by bacterial lectins. *PLOS ONE*. Public Library of Science, 2019, roč. 14, č. 7, s. 1-23. ISSN 1932-6203. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0220318>.

Mgr. Filip Melicher

Complex Portal 2018: extended content and enhanced visualization tools for macromolecular complexes [Typ výsledku: Jimp]

MELDAL, Birgit H M, Hema BYE-A-JEE, Lukáš GAJDOŠ, Zuzana HAMMEROVÁ, Aneta HORÁČKOVÁ, Filip MELICHER, Livia PERFETTO, Daniel POKORNÝ, Milagros Rodriguez LOPEZ, Alžběta TŮRKOVÁ, Edith D WONG, Zengyan XIE, Elisabeth Barrera CASANOVA, Noemi DEL-TORO, Maximilian KOCH, Pablo PORRAS, Henning HERMIAKOB a Sandra ORCHARD. Complex Portal 2018: extended content and enhanced visualization tools for macromolecular complexes. *Nucleic acids research*. Oxford: Oxford University Press, 2019, roč. 47, D1, s. "D550"-D558", 9 s. ISSN 0305-1048. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/nar/gky1001>.

Lectin PLL3, a Novel Monomeric Member of the Seven-Bladed beta-Propeller Lectin Family [Typ výsledku: Jimp]

FALTINEK, Lukáš, Eva FUJDIAROVÁ, Filip MELICHER, Josef HOUSER, Martina KAŠÁKOVÁ, Nikolay KONDAKOV, Leonid KONONOV, Kamil PARKAN, Sébastien VIDAL a Michaela WIMMEROVÁ. Lectin PLL3, a Novel Monomeric Member of the Seven-Bladed beta-Propeller Lectin Family. *Molecules*. Basel: MDPI, 2019, roč. 24, č. 24, s. 1-20. ISSN 1420-3049. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/molecules24244540>.

Characterization of monomeric lectin PLL3 from *Photorhabdus laumondii* [Typ výsledku: a]

FALTINEK, Lukáš, Eva FUJDIAROVÁ, Filip MELICHER, Josef HOUSER a Michaela WIMMEROVÁ. Characterization of monomeric lectin PLL3 from *Photorhabdus laumondii*. In XXVI. Annual Congress of Czech and Slovak Societies for Biochemistry and Molecular Biology with cooperation of Austrian and German Biochemical Section. 2021. ISBN 978-80-907779-1-0.

Comparative structural analysis of lectin family from *Photorhabdus* spp. [Typ výsledku: a]

HOUSER, Josef, Eva FUJDIAROVÁ, Gita JANČAŘÍKOVÁ, Filip MELICHER a Michaela WIMMEROVÁ. Comparative structural analysis of lectin family from *Photorhabdus* spp. In Instruct Ultra 3rd Structural biology meeting. 2019. ISBN 978-80-971665-1-9.

Comparative structural analysis of lectin family from *Photorhabdus* spp. [Typ výsledku: a]

HOUSER, Josef, Eva FUJDIAROVÁ, Gita JANČAŘÍKOVÁ, Filip MELICHER a Michaela WIMMEROVÁ. Comparative structural analysis of lectin family from *Photorhabdus* spp. In XVI Discussions in Structural Molecular Biology. 2019. ISSN 1211-5894.

Ing. Peter Michálek

Centrum výpočetní techniky — Fakulta informatiky

Pracovní zařazení správce ICT

RNDr. Vít Musil, Ph.D.

Mean Payoff Optimization for Systems of Periodic Service and Maintenance [Typ výsledku: D]

KLAŠKA, David, Antonín KUČERA, Vít MUSIL a Vojtěch ŘEHÁK. Mean Payoff Optimization for Systems of Periodic Service and Maintenance. Online. In Edith Elkind. Proceedings of the Thirty-Second International Joint Conference on Artificial Intelligence, IJCAI 2023,. Neuveden: International Joint Conferences on Artificial Intelligence, 2023, s. 5386-5393. ISBN 978-1-956792-03-4. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.24963/ijcai.2023/598>.

Synthesizing Resilient Strategies for Infinite-Horizon Objectives in Multi-Agent Systems [Typ výsledku: D]

KLAŠKA, David, Antonín KUČERA, Martin KUREČKA, Vít MUSIL, Petr NOVOTNÝ a Vojtěch ŘEHÁK. Synthesizing Resilient Strategies for Infinite-Horizon Objectives in Multi-Agent Systems. Online. In Edith Elkind. Proceedings of the Thirty-Second International Joint Conference on Artificial Intelligence, IJCAI 2023,. Neuveden: International Joint Conferences on Artificial Intelligence, 2023, s. 171-179. ISBN 978-1-956792-03-4. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.24963/ijcai.2023/20>.

General Optimization Framework for Recurrent Reachability Objectives [Typ výsledku: D]

KLAŠKA, David, Antonín KUČERA, Vít MUSIL a Vojtěch ŘEHÁK. General Optimization Framework for Recurrent Reachability Objectives. Online. In Luc De Raedt. Proceedings of the Thirty-First International Joint Conference on Artificial Intelligence, IJCAI 2022. Neuveden: ijcai.org, 2022, s. 4642-4648. ISBN 978-1-956792-00-3. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.24963/ijcai.2022/644>.

CombOptNet: Fit the Right NP-Hard Problem by Learning Integer Programming Constraints [Typ výsledku: D]

PAULUS, Anselm, Michal ROLÍNEK, Vít MUSIL, Brandon AMOS a Georg MARTIUS. CombOptNet: Fit the Right NP-Hard Problem by Learning Integer Programming Constraints. Online. In Meila, M; Zhang, T. INTERNATIONAL CONFERENCE ON MACHINE LEARNING, VOL 139. 139. vyd. SAN DIEGO: JMLR-JOURNAL MACHINE LEARNING RESEARCH, 2021, s. 8443-8453. ISBN 978-1-7138-4506-5.

Regstar: Efficient Strategy Synthesis for Adversarial Patrolling Games [Typ výsledku: D]

KLAŠKA, David, Antonín KUČERA, Vojtěch ŘEHÁK a Vít MUSIL. Regstar: Efficient Strategy Synthesis for Adversarial Patrolling Games. Online. In de Campos, Cassio and Maathuis, Marloes H. Proceedings of 37th Conference on Uncertainty in Artificial Intelligence (UAI 2021). Neuveden: AUAI Press, 2021, s. 471-481. ISSN 2640-3498.

RNDr. Radim Navrátil, Ph.D.

Minimum distance tests and estimates based on ranks [Typ výsledku: Jimp]

NAVRÁTIL, Radim. Minimum distance tests and estimates based on ranks. *REVSTAT Statistical Journal*. Lisbon: Statistics Portugal, 2020, roč. 18, č. 3, s. 299-310. ISSN 1645-6726.

Attribute Exploration in Formal Concept Analysis and Measuring of Pupils' Computational Thinking [Typ výsledku: D]

ANTONI, Lubomír, Danka BRUOTHOVÁ, Ján GUNIŠ, Angelika HANESZ, Stanislav KRAJČI, Radim NAVRÁTIL, Lubomír ŠNAJDER a Zuzana TKÁČOVÁ. Attribute Exploration in Formal Concept Analysis and Measuring of Pupils' Computational Thinking. Online. In Paralic J., Sincak P., Hartono P., Marik V. Towards Digital Intelligence Society. Cham: Springer GmbH, 2021, s. 160-180. ISBN 978-3-030-63871-9. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-63872-6_8.

RNDr. Zuzana Nevěřilová, Ph.D.

Compressed FastText Models for Czech Tagger [Typ výsledku: D]

NEVĚŘILOVÁ, Zuzana. Compressed FastText Models for Czech Tagger. In Aleš Horák, Pavel Rychlý, Adam Rámbosek. Proceedings of the Sixteenth Workshop on Recent Advances in Slavonic Natural Languages Processing, RASLAN 2022. Brno: Tribun EU, 2022, s. 79-87. ISBN 978-80-263-1752-4.

Machine Learning methods for Predictive Maintenance of Multifunctional Printers [Typ výsledku: D]

VALČÍK, Jakub, Wojciech INDYK a Zuzana NEVĚŘILOVÁ. Machine Learning methods for Predictive Maintenance of Multifunctional Printers. Online. In 6th Workshop on Mining and Learning from Time Series. 2020.

doc. Mgr. Bc. Vít Nováček, PhD**Biological applications of knowledge graph embedding models [Typ výsledku: Jimp]**

MOHAMED, Sameh K, Ayah NOUNU a Vít NOVÁČEK. Biological applications of knowledge graph embedding models. Briefings in Bioinformatics. Oxford (UK): Oxford University Press, 2021, roč. 22, č. 2, s. 1679-1693. ISSN 1467-5463. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bib/bbaa012>.

Boundary heat diffusion classifier for a semi-supervised learning in a multilayer network embedding [Typ výsledku: Jimp]

TIMILSINA, Mohan, Vít NOVÁČEK, Mathieu DAQUIN a Haixuan YANG. Boundary heat diffusion classifier for a semi-supervised learning in a multilayer network embedding. NEURAL NETWORKS. ENGLAND: PERGAMON-ELSEVIER SCIENCE LTD, 2022, roč. 156, č. 1, s. 205-217. ISSN 0893-6080. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.neunet.2022.10.005>.

Accurate prediction of kinase-substrate networks using knowledge graphs [Typ výsledku: Jimp]

NOVÁČEK, Vít, Gavin MCGAURAN, David MATALLANAS, Adrián Vallejo BLANCO, Piero CONCA, Emir MUÑOZ, Luca COSTABELLO, Kamallesh KANAKARAJ, Zeeshan NAWAZ, Brian WALSH, Sameh K MOHAMED, Pierre-Yves VANDENBUSSCHE, Colm J RYAN, Walter KOLCH a Dirk FEY. Accurate prediction of kinase-substrate networks using knowledge graphs. PLoS Computational Biology. Cambridge: PLoS, 2020, roč. 16, č. 12, s. 1-30. ISSN 1553-734X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1371/journal.pcbi.1007578>.

Machine Learning — Assisted Recurrence Prediction for Patients With Early-Stage Non — Small-Cell Lung Cancer [Typ výsledku: Jimp]

JANIK, Adrianna, Maria TORRENTE, Luca COSTABELLO, Virginia CALVO, Brian WALSH, Carlos CAMPS, Sameh K MOHAMED, Ana L ORTEGA, Vít NOVÁČEK, Bartomeu MASSUTÍ, Pasquale MINERVINI, M Rosario GARCIA CAMPELO, Edel del BARCO, Joaquim BOSCH-BARRERA, Ernestina MENASALVAS, Mohan TIMILSINA a Mariano PROVENCIO. Machine Learning — Assisted Recurrence Prediction for Patients With Early-Stage Non — Small-Cell Lung Cancer. JCO CLINICAL CANCER INFORMATICS. UNITED STATES: LIPPINCOTT WILLIAMS & WILKINS, 2023, roč. 7, e2200062, s. 1-11. ISSN 2473-4276. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1200/CCI.22.00062>.

Extraction, labeling, clustering, and semantic mapping of segments from clinical notes [Typ výsledku: Jsc]

ZELINA, Petr, Jana HALÁMKOVÁ a Vít NOVÁČEK. Extraction, labeling, clustering, and semantic mapping of segments from clinical notes. IEEE TRANSACTIONS ON NANOBIOENGINEERING. UNITED STATES: IEEE-INST ELECTRICAL ELECTRONICS ENGINEERS INC, 2023, roč. 22, č. 4, s. 781-788. ISSN 1536-1241. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/TNB>

doc. RNDr. Petr Novotný, Ph.D.**Shielding in Resource-Constrained Goal POMDPs [Typ výsledku: D]**

AJDARÓW, Michał, Šimon BRLEJ a Petr NOVOTNÝ. Shielding in Resource-Constrained Goal POMDPs. Online. In Brian Williams, Yiling Chen, Jennifer Neville. Proceedings of the 37th AAAI Conference on Artificial Intelligence. Washington, DC, USA: AAAI Press, 2023, s. 14674-14682. ISBN 978-1-57735-880-0. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1609/aaai.v37i1>

Fuel in Markov Decision Processes (FiMDP): A Practical Approach to Consumption [Typ výsledku: D]

BLAHOUDEK, František, Murat CUBUKTEPE, Petr NOVOTNÝ, Melkior ORNIK, Pranay THANGEDA a Ufuk TOPCU. Fuel in Markov Decision Processes (FiMDP): A Practical Approach to Consumption. Online. In 24th International Symposium on Formal Methods, FM 2021. Cham, Switzerland: Springer, 2021, s. 640-656. ISBN 978-3-030-90869-0. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-90870-6_34.

Proving non-termination by program reversal [Typ výsledku: D]

CHATTERJEE, Krishnendu, Ehsan Kafshdar GOHARSHADY, Petr NOVOTNÝ a Djordje ŽIKELIĆ. Proving non-termination by program reversal. Online. In Proceedings of the ACM SIGPLAN Conference on Programming Language Design and Implementation (PLDI). New York, NY, USA: ACM, 2021, s. 1033-1048. ISBN 978-1-4503-8391-2. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1145/3453483.3454093>.

Reinforcement Learning of Risk-Constrained Policies in Markov Decision Processes [Typ výsledku: D]

BRÁZDIL, Tomáš, Krishnendu CHATTERJEE, Petr NOVOTNÝ a Jiří VAHALA. Reinforcement Learning of Risk-Constrained Policies in Markov Decision Processes. Online. In The Thirty-Fourth AAAI Conference on Artificial Intelligence, AAAI 2020. Palo Alto, California, USA: AAAI Press, 2020, s. 9794-9801. ISBN 978-1-57735-823-7. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1609/aaai.v34i06.6531>.

On the Complexity of Value Iteration [Typ výsledku: D]

BALAJI, Nikhil, Stefan KIEFER, Petr NOVOTNÝ, Guillermo A. PÉREZ a Mahsa SHIRMOHAMMADI. On the Complexity of Value Iteration. Online. In Christel Baier, Ioannis Chatzigiannakis, Paola Flocchini, Stefano Leonardi. Proceedings of the 46th International Colloquium on Automata, Languages, and Programming (ICALP 2019). Dagstuhl, Germany: Schloss Dagstuhl - Leibniz-Zentrum fuer Informatik, 2019, s. "102:1"-102:15", 15 s. ISBN 978-3-95977-109-2. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.4230/LIPIcs.ICALP.2019.102>.

doc. Mgr. Jan Obdržálek, PhD.**Shrub-depth: Capturing Height of Dense Graphs [Typ výsledku: Jimp]**

GANIAN, Robert, Petr HLINĚNÝ, Jaroslav NEŠETŘIL, Jan OBRŽÁLEK a Patrice OSSONA DE MENDEZ. Shrub-depth: Capturing Height of Dense Graphs. Logical Methods in Computer Science. BRAUNSCHWEIG: LOGICAL

METHODS COMPUTER SCIENCE E V, 2019, roč. 15, č. 1, s. "7:1"-7:25", 25 s. ISSN 1860-5974. Dostupné z: [https://dx.doi.org/10.23638/LMCS-15\(1:7\)2019](https://dx.doi.org/10.23638/LMCS-15(1:7)2019).

A New Perspective on FO Model Checking of Dense Graph Classes [Typ výsledku: Jimp]

GAJARSKÝ, Jakub, Petr HLINĚNÝ, Daniel LOKSHTANOV, Jan OBDRŽÁLEK a M S RAMANUJAN. A New Perspective on FO Model Checking of Dense Graph Classes. *ACM Transactions on Computational Logic*. New York, NY, USA: Association for Computing Machinery, 2020, roč. 21, č. 4, s. "28:1"-28:23", 23 s. ISSN 1529-3785. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1145/3383206>.

Cartesian Reachability Logic: A Language-parametric Logic for Verifying k-Safety Properties [Typ výsledku: D]

TUŠIL, Jan, Traian SERBANUTA a Jan OBDRŽÁLEK. Cartesian Reachability Logic: A Language-parametric Logic for Verifying k-Safety Properties. Online. In Ruzica Piskac and Andrei Voronkov. *Proceedings of 24th International Conference on Logic for Programming, Artificial Intelligence and Reasoning*. Manchester: EasyChair, 2023, s. 405-456. ISSN 2398-7340. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.29007/1874>.

RNDr. Tomáš Obšiváč

Vývojář informačního systému VŠ, Fakulta informatiky MU

doc. RNDr. Radek Ošlejšek, Ph.D.

Conceptual Model of Visual Analytics for Hands-on Cybersecurity Training [Typ výsledku: Jimp]

OŠLEJŠEK, Radek, Vít RUSŇÁK, Karolína DOČKALOVÁ BURSKÁ, Valdemar ŠVÁBENSKÝ, Jan VYKOPAL a Jakub ČEGAN. Conceptual Model of Visual Analytics for Hands-on Cybersecurity Training. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*. 2021, roč. 27, č. 8, s. 3425-3437. ISSN 1077-2626. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/TVCG.2021>

Data-driven insight into the puzzle-based cybersecurity training [Typ výsledku: Jimp]

DOČKALOVÁ BURSKÁ, Karolína, Vít RUSŇÁK a Radek OŠLEJŠEK. Data-driven insight into the puzzle-based cybersecurity training. *Computers & Graphics*. Elsevier Science, 2022, roč. 102, February 2022, s. 441-451. ISSN 0097-8493. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.cag.2021.09.011>.

The Prisoner's Dilemma in the Workplace: How Cooperative Behavior of Managers Influence Organizational Performance and Stress [Typ výsledku: Jimp]

SPURNÝ, Josef, Ivan KOPEČEK, Radek OŠLEJŠEK, Jaromír PLHÁK a Francesco CAPUTO. The Prisoner's Dilemma in the Workplace: How Cooperative Behavior of Managers Influence Organizational Performance and Stress. *Kybernetes*. Rome, Italy: Emerald Publishing Limited, 2022, roč. 51, č. 1, s. 52-76. ISSN 0368-492X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1108/K-04-2020-0229>.

Process Mining Analysis of Puzzle-Based Cybersecurity Training [Typ výsledku: D]

MACÁK, Martin, Radek OŠLEJŠEK a Barbora BŮHNOVÁ. Process Mining Analysis of Puzzle-Based Cybersecurity Training. Online. In *Proceedings of the 27th ACM Conference on Innovation and Technology in Computer Science Education Vol. 1 (ITICSE '22)*. New York, NY, USA: Association for Computing Machinery, 2022, s. 449-455. ISBN 978-1-4503-9201-3. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1145/3502718.3524819>.

Enhancing Situational Awareness for Tutors of Cybersecurity Capture the Flag Games [Typ výsledku: D]

DOČKALOVÁ BURSKÁ, Karolína, Vít RUSŇÁK a Radek OŠLEJŠEK. Enhancing Situational Awareness for Tutors of Cybersecurity Capture the Flag Games. Online. In Ebad Banissi, Anna Ursyn, et al. *2021 25th International Conference Information Visualisation (IV)*. United States of America: IEEE, 2021, s. 235-242. ISBN 978-1-6654-3827-8. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/IV53921.2021.00045>.

MVDr. Eva Paulenová, Ph.D.

Characterization of novel lectins from Burkholderia pseudomallei and Chromobacterium violaceum with seven-bladed beta-propeller fold [Typ výsledku: Jimp]

SÝKOROVÁ, Petra, Jitka NOVOTNÁ, Gabriel DEMO, Guillaume POMPIDOR, Eva DUBSKÁ, Jan KOMÁREK, Eva FUJDIAROVÁ, Josef HOUSER, Lucia HÁRONÍKOVÁ, Annabelle VARROT, Nadya SHILOVA, Anne IMBERTY, Nicolas BOVIN, Martina POKORNÁ a Michaela WIMMEROVÁ. Characterization of novel lectins from Burkholderia pseudomallei and Chromobacterium violaceum with seven-bladed beta-propeller fold. *International journal of biological macromolecules*. Amsterdam: Elsevier Science BV, 2020, roč. 152, JUN, s. 1113-1124. ISSN 0141-8130. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2019.10.200>.

Heptabladed b-propeller lectins PLL2 and PHL from Photorhabdus spp. recognize O-methylated sugars and influence the host immune system [Typ výsledku: Jimp]

FUJDIAROVÁ, Eva, Josef HOUSER, Pavel DOBEŠ, Gita PAULÍKOVÁ, Nikolaj KONDAKOV, Leonid KONONOV, Pavel HYRŠL a Michaela WIMMEROVÁ. Heptabladed b-propeller lectins PLL2 and PHL from Photorhabdus spp. recognize O-methylated sugars and influence the host immune system. *The FEBS Journal*. Hoboken: Wiley, 2021, roč. 288, č. 4, s. 1343-1365. ISSN 1742-464X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1111/febs.15457>.

Synthesis of beta-D-galactopyranoside-Presenting Glycoclusters, Investigation of Their Interactions with Pseudomonas aeruginosa Lectin A (PA-IL) and Evaluation of Their Anti-Adhesion Potential [Typ výsledku: Jimp]

MALINOVSKÁ, Lenka, Son THAI LE, Mihály HERCZEG, Michaela VAŠKOVÁ, Josef HOUSER, Eva FUJDIAROVÁ, Jan KOMÁREK, Petr HODEK, Anikó BORBÁS, Michaela WIMMEROVÁ a Magdolna CSÁVÁS. Synthesis of beta-D-galactopyranoside-Presenting Glycoclusters, Investigation of Their Interactions with Pseudomonas aeruginosa Lectin A (PA-IL) and Evaluation of Their Anti-Adhesion Potential. *Biomolecules*. MDPI, 2019, roč. 9, č. 11, s. 686-707. ISSN 2218-273X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/biom9110686>.

Mgr. Marta Pelcová, Ph.D.**A novel method for classification of wine based on organic acids [Typ výsledku: Jimp]**

MILOVANOVIĆ, Miodrag, Jiří ŽERAVÍK, Michal OBOŘIL, Marta PELCOVÁ, Karel LACINA, Uros CAKAR, Aleksandar PETROVIC, Zdeněk GLATZ a Petr SKLÁDAL. A novel method for classification of wine based on organic acids. *Food Chemistry*. Elsevier Science, 2019, roč. 284, June, s. 296-302. ISSN 0308-8146. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.05.032>.

Capillary electrophoresis — mass spectrometry as a tool for the noninvasive target metabolomic analysis of underivatized amino acids for evaluating embryo viability in assisted reproduction [Typ výsledku: Jimp]

SKRUTKOVÁ LANGMAJEROVÁ, Monika, Marta PELCOVÁ, Pavla VEDROVÁ, Andrea CELÁ a Zdeněk GLATZ. Capillary electrophoresis — mass spectrometry as a tool for the noninvasive target metabolomic analysis of underivatized amino acids for evaluating embryo viability in assisted reproduction. *Electrophoresis*. Weidham: Wiley-VCH GmbH, 2022, roč. 43, 5-6, s. 679-68, 9 s. ISSN 0173-0835. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/elps.202100328>.

Stanovení hladiny psychofarmak metodou suché krevní skvrny- proveditelné v reálné praxi? [Typ výsledku: a]

JUŘICA, Jan a Marta PELCOVÁ. Stanovení hladiny psychofarmak metodou suché krevní skvrny- proveditelné v reálné praxi? In 63. ČESKO-SLOVENSKÁ VIRTUÁLNÍ PSYCHOFARMAKOLOGICKÁ KONFERENCE; Křížovaty v Psychofarmakologii. 2021. ISSN 1211-7579.

Optimalizace LC-MS stanovení olanzapinu [Typ výsledku: a]

PELCOVÁ, Marta, Radka VAŇUŠANÍKOVÁ, Jan JUŘICA, Libor USTOHAL a Zdeněk GLATZ. Optimalizace LC-MS stanovení olanzapinu. In 21. ročník Školy hmotnostní spektrometrie. 2020. ISBN 978-80-88195-18-4.

Stanovení olanzapinu a jeho demethylovaného metabolitu v séru pro klinické experimentální využití [Typ výsledku: a]

JUŘICA, Jan a Marta PELCOVÁ. Stanovení olanzapinu a jeho demethylovaného metabolitu v séru pro klinické experimentální využití. In 62. Česko-slovenská psychofarmakologická konference. 2020.

prof. RNDr. Tomáš Pitner, Ph.D.**Addressing insider attacks via forensic-ready risk management [Typ výsledku: Jimp]**

DAUBNER, Lukáš, Martin MACÁK, Raimundas MATULEVIČIUS, Barbora BÜHNOVÁ, Sofija MAKSOVIĆ a Tomáš PITNER. Addressing insider attacks via forensic-ready risk management. *JOURNAL OF INFORMATION SECURITY AND APPLICATIONS*. ENGLAND: ELSEVIER, 2023, roč. 73, March 2023, s. 103433-103449. ISSN 2214-2126. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jisa.2023.103433>.

Machine Learning-Based Node Characterization for Smart Grid Demand Response Flexibility Assessment [Typ výsledku: Jimp]

KRC, Rostislav, Martina KRATOCHVILLOVA, Jan PODROUZEK, Tomas APELTAUER, Václav STUPKA a Tomáš PITNER. Machine Learning-Based Node Characterization for Smart Grid Demand Response Flexibility Assessment. *Sustainability*. MDPI, 2021, roč. 13, č. 5, s. 1-18. ISSN 2071-1050. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/su13052954>.

Do science and technology parks improve technology transfer? [Typ výsledku: Jimp]

ŠTERUSKÁ, Jana, Nikola ŠIMKOVÁ a Tomáš PITNER. Do science and technology parks improve technology transfer? *Technology in Society*. Elsevier, 2019, roč. 59, November 2019, s. 101127-101141. ISSN 0160-791X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.techsoc.2019.04.003>.

Forensic experts' view of forensic-ready software systems: A qualitative study [Typ výsledku: Jimp]

DAUBNER, Lukáš, Barbora BÜHNOVÁ a Tomáš PITNER. Forensic experts' view of forensic-ready software systems: A qualitative study. *Journal of Software: Evolution and Process*. John Wiley & Sons Ltd., 2023, Neuveden, e2598, s. 1-23. ISSN 2047-7481. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/smr.2598>.

Self-adaptive RFID Authentication for Internet of Things [Typ výsledku: D]

MBAREK, Bacem, Mouzhi GE a Tomáš PITNER. Self-adaptive RFID Authentication for Internet of Things. In *Proceedings of the 33rd International Conference on Advanced Information Networking and Applications (AINA-2019)*. Matsue, Japan: Springer, *Advances in Intelligent Systems and Computing*, 2020, s. 1094-1105. ISBN 978-3-030-15031-0. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-15032-7_92.

doc. Mgr. Pavel Plevka, Ph.D.**Cargo Release from Nonenveloped Viruses and Virus-like Nanoparticles: Capsid Rupture or Pore Formation [Typ výsledku: Jimp]**

SUKENÍK, Lukáš, Liya MUKHAMEDOVA, Michaela PROCHÁZKOVÁ, Karel ŠKUBNÍK, Pavel PLEVKA a Robert VÁCHA. Cargo Release from Nonenveloped Viruses and Virus-like Nanoparticles: Capsid Rupture or Pore Formation. *ACS Nano*. Washington, D.C.: American Chemical Society, 2021, roč. 15, č. 12, s. 19233-19243. ISSN 1936-0851. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1021/acsnano.1c04814>.

Tail proteins of phage SU10 reorganize into the nozzle for genome delivery [Typ výsledku: Jimp]

ŠIBOROVÁ, Marta, Tibor FÜZIK, Michaela PROCHÁZKOVÁ, Jiří NOVÁČEK, Martin BENEŠÍK, Anders S NILSSON a Pavel PLEVKA. Tail proteins of phage SU10 reorganize into the nozzle for genome delivery. *Nature Communications*. London: Nature Publishing Group, 2022, roč. 13, č. 1, s. 5622-5634. ISSN 2041-1723. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1038/s41467-022-33305-w>.

Epitope convergence of broadly HIV-1 neutralizing IgA and IgG antibody lineages in a viremic controller [Typ výsledku: Jimp]

LORIN, Valerie, Ignacio FERNANDEZ, Guillemette MASSE-RANSON, Melanie BOUVIN-PLY, Luis M MOLINOS-ALBERT, Cyril PLANCHAIS, Thierry HIEU, Gerard PEHAU-ARNAUDET, Dominik HREBÍK, Giulia GIRELLI-ZUBANI, Oriane FIQUET, Florence GUIVEL-BENHASSINE, Rogier W SANDERS, Bruce D WALKER, Olivier SCHWARTZ, Johannes F SCHEID, Jordan D DIMITROV, Pavel PLEVKA, Martine BRAIBANT, Michael S SEAMAN, Francois BONTEMS, James p DI SANTO, Felix A REY a Hugo MOUQUET. Epitope convergence of broadly HIV-1 neutralizing IgA and IgG antibody lineages in a viremic controller. JOURNAL OF EXPERIMENTAL MEDICINE. UNITED STATES: ROCKEFELLER UNIV PRESS, 2022, roč. 219, č. 3, s. 1-21. ISSN 0022-1007. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1084/jem.20212045>.

Capsid opening enables genome release of iflaviruses. [Typ výsledku: Jimp]

ŠKUBNÍK, Karel, Lukáš SUKENÍK, David BUCHTA, Tibor FÜZIK, Michaela PROCHÁZKOVÁ, Jana MORAVCOVÁ, Lenka ŠMERDOVÁ, Antonín PŘIDAL, Robert VÁCHA a Pavel PLEVKA. Capsid opening enables genome release of iflaviruses. Science advances. New York: American Association for the Advancement of Science, 2021, roč. 7, č. 1, s. 1-9. ISSN 2375-2548. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1126/sciadv.abd7130>.

Structure and mechanism of DNA delivery of a gene transfer agent [Typ výsledku: Jimp]

BÁRDY, Pavol, Tibor FÜZIK, Dominik HREBÍK, Roman PANTŮČEK, John THOMAS BEATTY a Pavel PLEVKA. Structure and mechanism of DNA delivery of a gene transfer agent. Nature Communications. London: Nature Publishing Group, 2020, roč. 11, č. 1, s. 1-13. ISSN 2041-1723. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1038/s41467-020-16669-9>.

RNDr. Jaromír Plhák, Ph.D.

The Prisoner's Dilemma in the Workplace: How Cooperative Behavior of Managers Influence Organizational Performance and Stress [Typ výsledku: Jimp]

SPURNÝ, Josef, Ivan KOPEČEK, Radek OŠLEJŠEK, Jaromír PLHÁK a Francesco CAPUTO. The Prisoner's Dilemma in the Workplace: How Cooperative Behavior of Managers Influence Organizational Performance and Stress. Kybernetes. Rome, Italy: Emerald Publishing Limited, 2022, roč. 51, č. 1, s. 52-76. ISSN 0368-492X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1108/K-04-2020-0229>.

Researching the Links Between Smartphone Behavior and Adolescent Well-being With the FUTURE-WP4 (Modeling the Future: Understanding the Impact of Technology on Adolescent's Well-being Work Package 4) Project: Protocol for an Ecological Momentary Assessment Study [Typ výsledku: Jimp]

ELAVSKY, Steriani, Jana BLAHOŠOVÁ, Michaela LEBEDÍKOVÁ, Michal TKACZYK, Martin Tancoš, Jaromír PLHÁK, Ondřej SOTOLÁŘ a David ŠMAHEL. Researching the Links Between Smartphone Behavior and Adolescent Well-being With the FUTURE-WP4 (Modeling the Future: Understanding the Impact of Technology on Adolescent's Well-being Work Package 4) Project: Protocol for an Ecological Momentary Assessment Study. JMIR RESEARCH PROTOCOLS. TORONTO: JMIR PUBLICATIONS, INC, 2022, roč. 11, č. 3, s. 1-11. ISSN 1929-0748. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.2196/35984>.

Classification of Adolescents' Risky Behavior in Instant Messaging Conversations [Typ výsledku: D]

PLHÁK, Jaromír, Ondřej SOTOLÁŘ, Michaela LEBEDÍKOVÁ a David ŠMAHEL. Classification of Adolescents' Risky Behavior in Instant Messaging Conversations. Online. In Ruiz F., Dy J., van de Meent J-W. 26th International Conference on Artificial Intelligence and Statistics, AISTATS 2023. <https://proceedings.mlr.press>: ML Research Press, 2023, s. 2390-2404. ISSN 2640-3498.

Towards Personal Data Anonymization for Social Messaging [Typ výsledku: D]

SOTOLÁŘ, Ondřej, Jaromír PLHÁK a David ŠMAHEL. Towards Personal Data Anonymization for Social Messaging. In Kamil Ekštejn, František Pártl, Miloslav Konopík. Text, Speech, and Dialogue. Cham: Springer, Cham, 2021, s. 281-292. ISBN 978-3-030-83526-2. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-83527-9_24.

Simulating the Impact of Cooperation and Management Strategies on Stress and Economic Performance [Typ výsledku: D]

DAŇA, Josef, Ivan KOPEČEK, Radek OŠLEJŠEK a Jaromír PLHÁK. Simulating the Impact of Cooperation and Management Strategies on Stress and Economic Performance. Online. In Tung Bui. Proceedings of the 52nd Hawaii International Conference on System Sciences. USA: University of Hawaii at Manoa, 2019, s. 6569-6578. ISBN 978-0-9981331-2-6. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.24251/HICSS.2019.787>.

doc. RNDr. Lubomír Popelínský, Ph.D.

A Revealed Imperfection in Concept Drift Correction in Metabolomics Modeling [Typ výsledku: D]

SCHWARZEROVÁ, Jana, Aleš KOSTOVAL, Adam BAJGER, Lucia JAKUBÍKOVÁ, Iro PIERDOU, Lubomír POPELÍNSKÝ, K. SEDLÁŘ a Wolfram WECKWERTH. A Revealed Imperfection in Concept Drift Correction in Metabolomics Modeling. In Ewa Pietka, Pawel Badura, Jacek Kawa, Wojciech Wieclawek. Information Technology in Biomedicine: 9th International Conference, ITIB 2022. Kamien Slaski: Springer, 2022, s. 498-509. ISBN 978-3-031-09134-6. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-09135-3_42.

On Usefulness of Outlier Elimination in Classification Tasks [Typ výsledku: D]

HETLEROVIĆ, Dušan, Lubomír POPELÍNSKÝ, P. BRAZDIL, C. SOARES a F. FREITAS. On Usefulness of Outlier Elimination in Classification Tasks. Online. In Tassadit Bouadi, Éliša Fromont, Eyke Hüllermeier. International Symposium on Intelligent Data Analysis 2022. Rennes: Springer, 2022, s. 143-156. ISBN 978-3-031-01332-4. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-01333-1_12.

An Innovative Perspective on Metabolomics Data Analysis in Biomedical Research Using Concept Drift Detection [Typ výsledku: D]

SCHWARZEROVÁ, Jana, Adam BAJGER, I. PIERDOU, Lubomír POPELÍNSKÝ, Karel SEDLÁŘ a W. WECKWERTH. An Innovative Perspective on Metabolomics Data Analysis in Biomedical Research Using Concept Drift Detection.

Online. In Yufei Huang and Lukasz A. Kurgan and Feng Luo and Xiaohua Hu and Yidong Chen and Edward R. Dougherty and Andrzej Kloczkowski and Yaohang Li. Proceedings of BIBM 2021. Houston, TX, USA: IEEE, 2021, s. 3075-3082. ISBN 978-1-6654-0126-5. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/BIBM52615.2021.9669418>.

A genetic algorithm for discriminative graph pattern mining [Typ výsledku: D]

VACULÍK, Karel a Lubomír POPELÍNSKÝ. A genetic algorithm for discriminative graph pattern mining. Online. In Bipin C. Desai and Dimosthenis Anagnostopoulos and Yannis Manolopoulos and Mara Nikolaidou. Proceedings of the 23rd International Database Applications & Engineering Symposium, IDEAS 2019, Athens, Greece. New York: ACM, 2019, s. 461-462. ISBN 978-1-4503-6249-8. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1145/3331076.3331113>.

Filtering outliers to improve classification. First results [Typ výsledku: D]

HETLEROVIČ, Dušan a Lubomír POPELÍNSKÝ. Filtering outliers to improve classification. First results. Online. In Peter Butka, František Babič, Ján Paralič. Data a Znalosti & WIKT 2019. Košice: Fakulta elektrotechniky a informatiky - Technická univerzita v Košiciach, 2019, s. 124-128. ISBN 978-80-553-3354-0.

RNDr. Jaroslav Ráček, Ph.D.

Complex Network Analysis for Knowledge Management and Organizational Intelligence [Typ výsledku: Jsc]

DAŇA, Josef, Francesco CAPUTO a Jaroslav RÁČEK. Complex Network Analysis for Knowledge Management and Organizational Intelligence. Journal of the Knowledge Economy. Springer US, 2020, roč. 11, č. 2, s. 405-424. ISSN 1868-7865. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s13132-018-0553-x>.

RNDr. Tomáš Raček, Ph.D.

Atomic Charge Calculator II: web-based tool for the calculation of partial atomic charges [Typ výsledku: Jimp]

RAČEK, Tomáš, Ondřej SCHINDLER, Dominik TOUŠEK, Vladimír HORSKÝ, Karel BERKA, Jaroslav KOČA a Radka SVOBODOVÁ. Atomic Charge Calculator II: web-based tool for the calculation of partial atomic charges. Nucleic acids research. Oxford: Oxford University Press, 2020, roč. 48, W1, s. "W591"-W596", 6 s. ISSN 0305-1048. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/nar/gkaa367>.

Community curation of bioinformatics software and data resources [Typ výsledku: Jimp]

ISON, Jon, Hervé MÉNAGER, Brancotte BRYAN, Erik JAANISO, Ahto SALUMETS, Tomáš RAČEK, Anna-Lena LAMPRECHT, Magnus PALMBLAD, Matúš KALAŠ, Piotr CHMURA, John M HANCOCK, Veit SCHWÄMMLE a Hans-Ioan IENASESCU. Community curation of bioinformatics software and data resources. Briefings in Bioinformatics. Oxford University Press, 2020, roč. 21, č. 5, s. 1697-1705. ISSN 1467-5463. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bib/bbz075>.

The bio.tools registry of software tools and data resources for the life sciences [Typ výsledku: Jimp]

ISON, Jon, Hans IENASESCU, Piotr CHMURA, Emil RYDZA, Hervé MÉNAGER, Matúš KALAŠ, Veit SCHWÄMMLE, Björn GRÜNING, Niall BEARD, Rodrigo LOPEZ, Severine DUVAUD, Heinz STOCKINGER, Bengt PERSSON, Radka SVOBODOVÁ VAŘEKOVÁ, Tomáš RAČEK, Jiří VONDRÁŠEK, Hedi PETERSON, Ahto SALUMETS, Inge JONASSEN, Rob HOOFT, Tommi NYRÖNEN, Alfonso VALENCIA, Salvador CAPELLA, Josep GELPÍ, Federico ZAMBELLI, Babis SAVAKIS, Brane LESKOŠEK, Kristoffer RAPACKI, Christophe BLANCHET, Rafael JIMENEZ, Arlindo OLIVEIRA, Gert VRIEND, Olivier COLLIN, Jacques van HELDEN, Peter LØNGREEN a Søren BRUNAK. The bio.tools registry of software tools and data resources for the life sciences. GENOME BIOLOGY. LONDON: BIOMED CENTRAL LTD, 2019, roč. 20, č. 164, s. 1-4. ISSN 1474-760X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1186/s13059-019-1772-6>.

Optimized SQE atomic charges for peptides accessible via a web application [Typ výsledku: Jimp]

SCHINDLER, Ondřej, Tomáš RAČEK, Aleksandra MARŠAVELSKI, Jaroslav KOČA, Karel BERKA a Radka SVOBODOVÁ. Optimized SQE atomic charges for peptides accessible via a web application. Journal of Cheminformatics. Chemistry Central Ltd. in association with BioMed Central, 2021, roč. 13, č. 1, s. 45-55. ISSN 1758-2946. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1186/s13321-021-00528-w>.

Similarity Search for an Extreme Application: Experience and Implementation [Typ výsledku: D]

MÍČ, Vladimír, Tomáš RAČEK, Aleš KŘENEK a Pavel ZEZULA. Similarity Search for an Extreme Application: Experience and Implementation. In Nora Reyes, Richard Connor, Nils Kriege, Daniyal Kazempour, Ilaria Bartolini, Erich Schubert, Jian-Jia Chen. Similarity Search and Applications: 14th International Conference, SISAP 2021, Dortmund, Germany, September 29 - October 1, 2021, Proceedings. Cham: Springer, 2021, s. 265-279. ISBN 978-3-030-89656-0. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-89657-7_20.

RNDr. Lukáš Ručka

-Stať ve sborníku

Fast reconstruction of image deformation field using radial basis function

RUČKA, Lukáš a Igor PETERLÍK. Fast reconstruction of image deformation field using radial basis function. In 2017 IEEE 14th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI). Neuveden: IEEE, 2017. s. 1146-1150. ISBN 978-1-5090-1171-1. doi:10.1109/ISBI.2017.7950719.

Image-driven Stochastic Identification of Boundary Conditions for Predictive Simulation

PETERLÍK, Igor, Nazim HAOUCHINE, Lukáš RUČKA a Stéphane COTIN. Image-driven Stochastic Identification of Boundary Conditions for Predictive Simulation. In Descoteaux M., Maier-Hein L., Franz A., Jannin P., Collins D., Duchesne S. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2017: 20th International Conference, Quebec City, QC, Canada, September 11-13, 2017, Proceedings, Part II. Cham: Springer, 2017. s. 548-556. ISBN 978-3-319-66184-1. doi:10.1007/978-3-319-66185-8_62.

User-aware Distributed User Interface for Tiled-display Environments

RUSŇÁK, Vít a Lukáš RUČKA. User-aware Distributed User Interface for Tiled-display Environments. In 4th Workshop on Distributed User Interfaces and Multimodal Interaction. Toulouse; France: Association for Computing Machinery, 2014. s. 19-22. ISBN 978-1-60558-724-0. doi:10.1145/2677356.2677660.

Towards User-Aware Multi-Touch Interaction Layer for Group Collaborative Systems

RUSŇÁK, Vít, Lukáš RUČKA a Petr HOLUB. Towards User-Aware Multi-Touch Interaction Layer for Group Collaborative Systems. In Kučera, A.; Henzinger, Th.A.; Nešetřil, J.; Vojnar, T.; Antoš, D. Lecture Notes in Computer Science Volume 7721. Revised Selected Papers. Berlin Heidelberg: Springer-Verlag Berlin / Heidelberg, 2013. s. 200-212. ISBN 978-3-642-36044-2. doi:10.1007/978-3-642-36046-6_19.

Towards Collaborative System Based on Tiled Multi-Touch Screens

RUSŇÁK, Vít a Lukáš RUČKA. Towards Collaborative System Based on Tiled Multi-Touch Screens. In Ellen Yi-Luen Do, Mark D. Gross, Ian Oakley. TEI '11 Work-in-Progress Workshop Proceedings. Funchal, Portugal: Association for Computing Machinery, 2011. s. 73-78. ISBN 978-1-4503-0478-8.

Článek v odborném periodiku

Toward Natural Multi-User Interaction in Advanced Collaborative Display Environments

RUSŇÁK, Vít, Lukáš RUČKA a Petr HOLUB. Toward Natural Multi-User Interaction in Advanced Collaborative Display Environments. Future Generation Computer Systems. Amsterdam, The Netherlands: Elsevier Science, 2016, roč. 54, January 2016, s. 313-325. ISSN 0167-739X. doi:10.1016/j.future.2015.03.019.

Software

MUSE framework 2.0 (software)

RUSŇÁK, Vít, Lukáš RUČKA, Pavel KAJABA, Desana DAXNEROVÁ, Matej MINÁRIK, Jiří KAREŠ, Michal BÁBEL a Petr HOLUB. MUSE framework 2.0. 2015.

MUSE framework 1.5 (software)

RUSŇÁK, Vít, Lukáš RUČKA, Pavel KAJABA, Desana DAXNEROVÁ, Matej MINÁRIK, Jiří KAREŠ, Michal BÁBEL a Petr HOLUB. MUSE framework 1.5. 2014.

MUSE framework 1.1.1 (software)

RUSŇÁK, Vít, Lukáš RUČKA, Martin ĽUPTÁK a Petr HOLUB. MUSE framework 1.1.1. 2013.

Libkerat - TUIO 2.0 implementation, version 1.0 (software)

RUČKA, Lukáš, Vít RUSŇÁK a Petr HOLUB. Libkerat - TUIO 2.0 implementation, version 1.0. 2012.

MUSE framework 1.0 (software)

RUSŇÁK, Vít, Lukáš RUČKA a Petr HOLUB. MUSE framework 1.0. 2012.

MUSE framework 0.1 (software)

RUSŇÁK, Vít, Lukáš RUČKA a Petr HOLUB. MUSE framework 0.1. 2011.

Prezentace na konferencích

Enhancing Multi-User Collaboration with Powerwalls

RUSŇÁK, Vít a Lukáš RUČKA. Enhancing Multi-User Collaboration with Powerwalls. 2013. ISBN 978-1-4503-1952-2.

MUSE — The Framework for Multi-Sensor Touch-Based Interaction

RUSŇÁK, Vít a Lukáš RUČKA. MUSE — The Framework for Multi-Sensor Touch-Based Interaction. In SICSA Summer School: Inference and Dynamics in Interaction. 2012.

Multi-Touch Tiled Screens: New Collaborative Workspace Headstone

RUSŇÁK, Vít a Lukáš RUČKA. Multi-Touch Tiled Screens: New Collaborative Workspace Headstone. In Terena Networking Conference 2011. 2011.

Audiovizuální tvorba

MUSE: Multi-Sensor Framework

RUSŇÁK, Vít, Lukáš RUČKA a Petr HOLUB. MUSE: Multi-Sensor Framework. 2011.

Mgr. Eva Rudolfová

Feedback Time, The Time of Learning: Guiding a STEM-oriented Presenter in Learning to Self-reflect [Typ výsledku: J]

RUDOLFOVÁ, Eva a Marcela SEKANINA VAVŘINOVÁ. Feedback Time, The Time of Learning: Guiding a STEM-oriented Presenter in Learning to Self-reflect. Humanising Language Teaching. London: Pilgrims, 2023, roč. 2023.

Riding the Waves of Autonomy: Language Counsellors' Reflections at Masaryk University Language Centre [Typ výsledku: C]

CHOVANCOVÁ, Barbora, Joseph LENNON, Anjuli PANDAVAR, Martina ŠINDELÁŘOVÁ SKUPEŇOVÁ, Eva RUDOLFOVÁ a Lenka ZOUHAR LUDVÍKOVÁ. Riding the Waves of Autonomy: Language Counsellors' Reflections at Masaryk University Language Centre. Online. In Ludwig, C., Tassinari, M.G., Mynard, J. Navigating Foreign Language Learner Autonomy. Hong Kong: Candlin & Mynard ePublishing Limited, 2020, s. 38-103. Autonomous Language Learning Series. ISBN 978-0-463-56990-0.

English Autonomously: jazyková výuka v lavicích a (hlavně) mimo ně [Typ výsledku: p]

TRUMPEŠOVÁ - RUDOLFOVÁ, Eva a Martina ŠINDELÁŘOVÁ SKUPEŇOVÁ. English Autonomously: jazyková výuka v lavicích a (hlavně) mimo ně. In 9. ročník Open space konference o e-learningu IS MU. 2019.

Fostering Autonomous Learning: English Across Disciplines [Typ výsledku: p]

TRUMPEŠOVÁ - RUDOLFOVÁ, Eva a Martina ŠINDELÁŘOVÁ SKUPEŇOVÁ. Fostering Autonomous Learning: English Across Disciplines. In CLIL: methodological Concept to effectively Support Key Professional Competencies Using Foreign Language. 2019.

RNDr. Michal Růžička, Ph.D.

Podporujeme nadané prvňáčky [Typ výsledku: M]

PORTEŠOVÁ, Šárka, Eva NOVÁKOVÁ, Růžena BLAŽKOVÁ, Michal JABŮREK, Ondřej STRAKA, Michal RŮŽIČKA, Matěj SMETANA, Jaroslav TOČÍK, Jana UNČOVSKÁ, Kateřina KREPŠOVÁ, Ondřej DVOŘÁK, Ondřej VORÁČ, Jan KOTTMAN, Zdeněk NOVÁK, Petra BUŠKOVÁ, Jindřiška SVOBODOVÁ, Eva MALACHOVÁ a Tereza HRSTKOVÁ. Podporujeme nadané prvňáčky. 2022.

ARCLib [Typ výsledku: R]

LHOTÁK, Martin, Martin DUDA, Andrea FOJTŮ, Jan HEJZL, Jan HUTAŘ, Filip KERSCH, Jana KŘÍŽOVÁ, Marek MELIČAR, Martina NEZBEDOVÁ, Miroslav PAVELKA, Eliška PAVLÁSKOVÁ, Jan POKORSKÝ, Michal PŠENIČKA, Ivana ŠLAPÁKOVÁ, Zdeněk TICHÝ, Miroslav BARTOŠEK, Jan BILWACHS, Lukáš HEJTMÁNEK, Zdeněk HRUŠKA, Václav JIROUŠEK, Pavlína KOČIŠOVÁ, Vlastimil KREJČÍŘ, Iveta LODROVÁ, Natalie OSTRÁKOVÁ, Michal RŮŽIČKA, Zdeněk VAŠEK a Petr ŽABIČKA. ARCLib. 2020.

Metodika bitové ochrany digitálních dat [Typ výsledku: N]

RŮŽIČKA, Michal, Andrea MIRANDA, Lukáš HEJTMÁNEK, Zdeněk VAŠEK, Vlastimil KREJČÍŘ a Miroslav BARTOŠEK. Metodika bitové ochrany digitálních dat. 2019.

Projekt ARCLib — vývoj open-source řešení pro dlouhodobou archivaci digitálních dokumentů pro knihovny a další paměťové instituce — aktuální stav [Typ výsledku: D]

LHOTÁK, Martin, Zdeněk VAŠEK a Michal RŮŽIČKA. Projekt ARCLib — vývoj open-source řešení pro dlouhodobou archivaci digitálních dokumentů pro knihovny a další paměťové instituce — aktuální stav. In LTP 2019: Nové trendy a východiska při budování LTP archívov: zborník príspevkov zo 4. medzinárodnej konferencie o dlhodobej archivácii. Bratislava: Univerzitná knižnica v Bratislave, 2019, s. 53-63. ISBN 978-80-89303-77-9.

Mgr. Vojtěch Sedláček, Ph.D.

The ArsH Protein Product of the Paracoccus denitrificans ars Operon Has an Activity of Organoarsenic Reductase and Is Regulated by a Redox-Responsive Repressor [Typ výsledku: Jimp]

SEDLÁČEK, Vojtěch, Martin KRYL a Igor KUČERA. The ArsH Protein Product of the Paracoccus denitrificans ars Operon Has an Activity of Organoarsenic Reductase and Is Regulated by a Redox-Responsive Repressor. Antioxidants. Basel: MDPI, 2022, roč. 11, č. 5, s. 1-18. ISSN 2076-3921. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/antiox11050902>.

Modifications of the Aerobic Respiratory Chain of Paracoccus Denitrificans in Response to Superoxide Oxidative Stress [Typ výsledku: Jimp]

SEDLÁČEK, Vojtěch a Igor KUČERA. Modifications of the Aerobic Respiratory Chain of Paracoccus Denitrificans in Response to Superoxide Oxidative Stress. Microorganisms. Basel: MDPI, 2019, roč. 7, č. 12, s. 1-12. ISSN 2076-2607. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/microorganisms7120640>.

Involvement of the cbb(3)-Type Terminal Oxidase in Growth Competition of Bacteria, Biofilm Formation, and in Switching between Denitrification and Aerobic Respiration [Typ výsledku: Jimp]

KUČERA, Igor a Vojtěch SEDLÁČEK. Involvement of the cbb(3)-Type Terminal Oxidase in Growth Competition of Bacteria, Biofilm Formation, and in Switching between Denitrification and Aerobic Respiration. Microorganisms. Basel: MDPI, 2020, roč. 8, č. 8, s. 1-11. ISSN 2076-2607. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/microorganisms8081230>.

Functional and mechanistic characterization of an atypical flavin reductase encoded by the pden_5119 gene in Paracoccus denitrificans [Typ výsledku: Jimp]

SEDLÁČEK, Vojtěch a Igor KUČERA. Functional and mechanistic characterization of an atypical flavin reductase encoded by the pden_5119 gene in Paracoccus denitrificans. Molecular Microbiology. Hoboken: WILEY, 2019, roč. 112, č. 1, s. 166-183. ISSN 0950-382X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1111/mmi.14260>.

Arginine 95 is important for recruiting superoxide to the active site of the FerB flavoenzyme of Paracoccus denitrificans [Typ výsledku: Jimp]

SEDLÁČEK, Vojtěch a Igor KUČERA. Arginine 95 is important for recruiting superoxide to the active site of the FerB flavoenzyme of Paracoccus denitrificans. FEBS Letters. Hoboken: Wiley, 2019, roč. 593, č. 7, s. 697-702. ISSN 0014-5793. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/1873-3468.13359>.

RNDr. Bc. Iveta Selingerová, Ph.D.

Interpretive discrepancies caused by target values inter-batch variations in chemiluminescence immunoassay for SARS-CoV-2 IgM/IgG by MAGLUMI [Typ výsledku: Jost]

SELINGEROVÁ, Iveta, Dalibor VALÍK, Lenka GESCHIEDTOVÁ, Vladimír ŠRÁMEK, Z. CERMAKOVA a Lenka ZDRAŽILOVÁ DUBSKÁ. Interpretive discrepancies caused by target values inter-batch variations in chemiluminescence immunoassay for SARS-CoV-2 IgM/IgG by MAGLUMI. Journal of Medical Virology. Hoboken: Wiley, 2021, roč. 93, č. 3, s. 1805-1809. ISSN 0146-6615. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/jmv.26612>.

Neoadjuvant Chemotherapy of Triple-Negative Breast Cancer: Evaluation of Early Clinical Response, Pathological Complete Response Rates, and Addition of Platinum Salts Benefit Based on Real-World Evidence [Typ výsledku: Jimp]

HOLÁNEK, Miloš, Iveta SELINGEROVÁ, Ondřej BÍLEK, Tomáš KAZDA, Pavel FABIAN, Lenka FORETOVÁ, Mária ZVARÍKOVÁ, Radka OBERMANNOVÁ, Ivana KOLOUŠKOVÁ, Oldřich COUFAL, Katarína PETRÁKOVÁ, Marek SVOBODA a Alexandr POPRACH. Neoadjuvant Chemotherapy of Triple-Negative Breast Cancer: Evaluation of Early Clinical Response, Pathological Complete Response Rates, and Addition of Platinum Salts Benefit Based on Real-World Evidence. *Cancers*. BASEL: MDPI, 2021, roč. 13, č. 7, s. 1-19. ISSN 2072-6694. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3390/cancers1307>

Real-World Evidence in Glioblastoma: Stupp's Regimen After a Decade [Typ výsledku: Jimp]

LAKOMÝ, Radek, Tomáš KAZDA, Iveta SELINGEROVÁ, Alexandr POPRACH, Petr POSPÍŠIL, Renata BELANOVÁ, Pavel FADRUS, Václav VYBÍHAL, Martin SMRČKA, Radim JANČÁLEK, Ludmila HYNKOVÁ, Katarína MÚČKOVÁ, Michal HENDRYCH, Jiří ŠÁNA, Ondřej SLABÝ a Pavel ŠLAMPA. Real-World Evidence in Glioblastoma: Stupp's Regimen After a Decade. *Frontiers in Oncology*. Lausanne: Frontiers Media S.A., 2020, roč. 10, July 2020, s. 1-11. ISSN 2234-943X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3389/fonc.2020.00840>.

Stereotactic Body Radiotherapy for Lymph Node Oligometastases: Real-World Evidence From 90 Consecutive Patients [Typ výsledku: Jimp]

BURKONĚ, Petr, Iveta SELINGEROVÁ, Marek SLÁVIK, Petr POSPÍŠIL, Lukas BOBEK, Libor KOMINEK, Pavel OS-MERA, Tomáš PROCHÁZKA, Miroslav VRZAL, Tomáš KAZDA a Pavel ŠLAMPA. Stereotactic Body Radiotherapy for Lymph Node Oligometastases: Real-World Evidence From 90 Consecutive Patients. *Frontiers in Oncology*. Lausanne: Frontiers Media S.A., 2021, roč. 10, FEB 2021, s. 1-13. ISSN 2234-943X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3389/fonc.2020.616494>.

Comparison of parametric and semiparametric survival regression models with kernel estimation [Typ výsledku: Jimp]

SELINGEROVÁ, Iveta, Stanislav KATINA a Ivanka HOROVÁ. Comparison of parametric and semiparametric survival regression models with kernel estimation. *Journal of Statistical Computation and Simulation*. Taylor & Francis, 2021, roč. 91, č. 13, s. 2717-2739. ISSN 0094-9655. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1080/00949655.2021.1906875>.

doc. RNDr. Petr Sojka, Ph.D.

EDS-MEMBED: Multi-sense embeddings based on enhanced distributional semantic structures via a graph walk over word senses [Typ výsledku: Jsc]

AYETIRAN, Eniafe Festus, Petr SOJKA a Vít NOVOTNÝ. EDS-MEMBED: Multi-sense embeddings based on enhanced distributional semantic structures via a graph walk over word senses. *Knowledge-Based Systems*. Elsevier, 2021, roč. 2021, č. 219, s. 106902-106915. ISSN 0950-7051. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.knosys.2021.106902>.

When FastText Pays Attention: Efficient Estimation of Word Representations using Constrained Positional Weighting [Typ výsledku: Jimp]

NOVOTNÝ, Vít, Michal ŠTEFÁNIK, Eniafe Festus AYETIRAN, Petr SOJKA a Radim ŘEHŮŘEK. When FastText Pays Attention: Efficient Estimation of Word Representations using Constrained Positional Weighting. *Journal of Universal Computer Science*. New York, USA: J.UCS Consortium, 2022, roč. 28, č. 2, s. 181-201. ISSN 0948-695X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3897/jucs.69619>.

AdaptOr: Objective-Centric Adaptation Framework for Language Models [Typ výsledku: D]

ŠTEFÁNIK, Michal, Vít NOVOTNÝ, Nikola GROVEROVÁ a Petr SOJKA. AdaptOr: Objective-Centric Adaptation Framework for Language Models. Online. In Valerio Basile, Zornitsa Kozareva, Sanja Stajner. *Proceedings of the 60th Conference of Association of Computational Linguistics, ACL 2022*. Dublin, Irsko: Association for Computational Linguistics, ACL, 2022, s. 261-269. ISBN 978-1-955917-24-7. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.18653/v1/2022.acl-demo.26>.

Diverse Semantics Representation is King [Typ výsledku: D]

GELETKA, Martin, Vojtěch KALIVODA, Michal ŠTEFÁNIK, Marek TOMA a Petr SOJKA. Diverse Semantics Representation is King. Online. In Guglielmo Faggioli, Nicola Ferro, Allan Hanbury, Martin Potthast. *Proceedings of the Working Notes of CLEF 2022 - Conference and Labs of the Evaluation Forum*. Bologna: CEUR.org, 2022, s. 28-39. ISSN 1613-0073.

Interpretable Gait Recognition by Granger Causality [Typ výsledku: D]

BALÁŽIA, Michal, Kateřina HLAVÁČKOVÁ-SCHINDLER, Petr SOJKA a Claudia PLANT. Interpretable Gait Recognition by Granger Causality. In *Proceedings of 26th International Conference on Pattern Recognition, ICPR 2022*. Los Alamitos, CA, USA: IEEE, 2022, s. 1069-1075. ISBN 978-1-6654-9062-7. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1109/ICPR56361.2022.99>

doc. RNDr. David Svoboda, Ph.D.

Generative modeling of living cells with SO(3)-equivariant implicit neural representations [Typ výsledku: Jsc]

WIESNER, David, Julian SUK, Sven DUMMER, Tereza NEČASOVÁ, Ulman VLADIMÍR, David SVOBODA a Jelmer WOLTERINK. Generative modeling of living cells with SO(3)-equivariant implicit neural representations. *Medical Image Analysis*. Netherlands: Elsevier, 2024, roč. 2024, č. 91, s. 102991-103008. ISSN 1361-8415. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.media.2023.102991>.

CytoPacq: A web-interface for simulating multi-dimensional cell imaging [Typ výsledku: Jimp]

WIESNER, David, David SVOBODA, Martin MAŠKA a Michal KOZUBEK. CytoPacq: A web-interface for simulating multi-dimensional cell imaging. *Bioinformatics*. Oxford University Press, 2019, roč. 35, č. 21, s. 4531-4533. ISSN 1367-4803. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btz417>.

The Wavelet-Based Denoising Of Images in Fiji, With Example Applications in Structured Illumination Microscopy [Typ výsledku: Jimp]

ČAPEK, Martin, Michaela BLAŽÍKOVÁ, Ivan NOVOTNÝ, Helena CHMELOVÁ, David SVOBODA, Barbora RADOCHOVÁ, Jiří JANÁČEK a Ondrej HORVÁTH. The Wavelet-Based Denoising Of Images in Fiji, With Example Applications in Structured Illumination Microscopy. *Image Analysis & Stereology. International Society for Stereology & Image Analysis*, 2021, roč. 40, č. 1, s. 3-16. ISSN 1580-3139. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.5566/ias.2432>.

Biomedical Image Synthesis and Simulation - Methods and Applications [Typ výsledku: t]

BURGOS, Ninon a David SVOBODA. *Biomedical Image Synthesis and Simulation - Methods and Applications*. 1st ed. Elsevier, 2022, 674 s. ISBN 978-0-12-824349-7.

Implicit Neural Representations for Generative Modeling of Living Cell Shapes [Typ výsledku: D]

WIESNER, David, Julian SUK, Sven DUMMER, David SVOBODA a Jelmer WOLTERINK. Implicit Neural Representations for Generative Modeling of Living Cell Shapes. Online. In Linwei Wang, Qi Dou, P. Thomas Fletcher, Stefanie Speidel, Shuo Li. *International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention*. Switzerland: Springer Nature Switzerland, 2022, s. 58-67. ISBN 978-3-031-16439-2. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-16440-8_6.

Mgr. Tomáš Szanislo

Centrum výpočetní techniky — Fakulta informatiky

Pracovní zařazení systémový analytik

prof. RNDr. Omar Šerý, Ph.D.**Implication of TRPC3 channel in gustatory perception of dietary lipids [Typ výsledku: Jimp]**

MURTAZA, Babar, Aziz HICHAMI, Amira S. KHAN, Jiří PLESNÍK, Omar ŠERÝ, Alexander DIETRICH, Lutz BIRNBAUMER a Naim Akhtar KHAN. Implication of TRPC3 channel in gustatory perception of dietary lipids. *Acta Physiologica*. Hoboken: Wiley, 2021, roč. 231, č. 2, s. 1-15. ISSN 1748-1708. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1111/apha.13554>.

Occurrence of SARS-CoV-2 in Indoor Environments With Increased Circulation and Gathering of People [Typ výsledku: Jimp]

DZIEDZINSKÁ, Radka, Petr KRÁLÍK a Omar ŠERÝ. Occurrence of SARS-CoV-2 in Indoor Environments With Increased Circulation and Gathering of People. *Frontiers in Public Health*. Lausanne: Frontiers Media S.A., 2021, roč. 9, November, s. 1-6. ISSN 2296-2565. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3389/fpubh.2021.787841>.

Polymorphism rs11867353 of Tyrosine Kinase Non-Receptor 1 (TNK1) Gene Is a Novel Genetic Marker for Alzheimer's Disease [Typ výsledku: Jimp]

ZEMAN, Tomáš, Vladimír Josef BALCAR, Kamila CAHOVÁ, Jana JANOUTOVÁ, Vladimír JANOUT, Jan LOCHMAN a Omar ŠERÝ. Polymorphism rs11867353 of Tyrosine Kinase Non-Receptor 1 (TNK1) Gene Is a Novel Genetic Marker for Alzheimer's Disease. *Molecular Neurobiology*. New York: Springer, 2021, roč. 58, č. 3, s. 996-1005. ISSN 0893-7648. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s12035-020-02153-4>.

Retinal arteriolar and venular diameters are widened in patients with schizophrenia [Typ výsledku: Jimp]

HOSÁK, Ladislav, Tomáš ZEMAN, Jan STUDNÍČKA, Alexandr STEPANOV, Libor USTOHAL, Marek MICHALEC, Jan LOCHMAN, Tomáš JUREČKA, Evgenii SADYKOV, Nandu GOSWAMI, Patrick DE BOEVER, Vladimír Josef BALCAR a Omar ŠERÝ. Retinal arteriolar and venular diameters are widened in patients with schizophrenia. *Psychiatry and Clinical Neurosciences*. Hoboken: Wiley, 2020, roč. 74, č. 11, s. 619-621. ISSN 1323-1316. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1111/pcn.13123>.

Single Nucleotide Polymorphism rs11136000 of CLU Gene (Clusterin, ApoJ) and the Risk of Late-Onset Alzheimer's Disease in a Central European Population [Typ výsledku: Jimp]

BALCAR, Vladimír Josef, Tomáš ZEMAN, Vladimír JANOUT, Jana JANOUTOVÁ, Jan LOCHMAN a Omar ŠERÝ. Single Nucleotide Polymorphism rs11136000 of CLU Gene (Clusterin, ApoJ) and the Risk of Late-Onset Alzheimer's Disease in a Central European Population. *Neurochemical Research*. New York: Springer Science+Business Media, Inc., 2021, roč. 46, č. 2, s. 411-422. ISSN 0364-3190. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s11064-020-03176-y>.

Mgr. Jiřina Šišoláková, Ph.D.**Averaging technique and oscillation criterion for linear and half-linear equations [Typ výsledku: Jimp]**

HASIL, Petr, Jiřina ŠIŠOLÁKOVÁ a Michal VESELÝ. Averaging technique and oscillation criterion for linear and half-linear equations. *Applied Mathematics Letters*. Oxford: PERGAMON-ELSEVIER SCIENCE LTD, 2019, roč. 92, č. 2019, s. 62-69. ISSN 0893-9659. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.aml.2019.01.013>.

Non-oscillation of linear and half-linear differential equations with unbounded coefficients [Typ výsledku: Jimp]

ŠIŠOLÁKOVÁ, Jiřina. Non-oscillation of linear and half-linear differential equations with unbounded coefficients. *Mathematical Methods in the Applied Sciences*. Hoboken: Wiley, 2021, roč. 44, č. 2, s. 1285-1297. ISSN 0170-4214. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/mma.6828>.

Non-oscillation criterion for Euler type half-linear difference equations with consequences in linear case [Typ výsledku: Jimp]

HASIL, Petr, Michal POSPÍŠIL, Jiřina ŠIŠOLÁKOVÁ a Michal VESELÝ. Non-oscillation criterion for Euler type half-linear difference equations with consequences in linear case. *Acta Mathematica Hungarica*. Springer, 2022, roč. 166, č. 2, s. 624 - 649. ISSN 0236-5294. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s10474-022-01218-1>.

Oscillation of modified Euler type half-linear differential equations via averaging technique [Typ výsledku: Jimp]

HASIL, Petr, Jiřina ŠIŠOLÁKOVÁ a Michal VESELÝ. Oscillation of modified Euler type half-linear differential equations via averaging technique. *Electronic Journal of Differential Equations*. Texas State University, 2022, roč. 2022, č. 41, s. 1-16. ISSN 1072-6691.

Non-oscillation of modified Euler type linear and half-linear differential equations [Typ výsledku: Jimp]

ŠIŠOLÁKOVÁ, Jiřina. Non-oscillation of modified Euler type linear and half-linear differential equations. *European Journal of Mathematics*. Springer, 2022, roč. 8, č. 2, s. 700-721. ISSN 2199-675X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s40879-021-00522-4>.

RNDr. Pavel Šmerk, Ph.D.

Oddělení výzkumu a projektové podpory — Fakulta informatiky

Pracovní zařazení odborný pracovník

Centrum výpočetní techniky — Fakulta informatiky

Pracovní zařazení odborný pracovník

Centrum zpracování přirozeného jazyka — Katedra strojového učení a zpracování dat — Fakulta informatiky

Pracovní zařazení odborný pracovník

Mgr. Zuzana Trošánová, Ph.D.**Quantitation of Human 14-3-3 ζ Dimerization and the Effect of Phosphorylation on Dimer-monomer Equilibria [Typ výsledku: Jimp]**

TROŠANOVÁ, Zuzana, Petr LOUŠA, Aneta KOZELEKOVÁ, Tomáš BROM, Norbert GAŠPARIK, Ján TUNGLI, Veronika WEISOVÁ, Erik ŽUPA, Gabriel ŽOLDÁK a Jozef HRITZ. Quantitation of Human 14-3-3 ζ Dimerization and the Effect of Phosphorylation on Dimer-monomer Equilibria. *Journal of Molecular Biology*. Elsevier, 2022, roč. 434, č. 7, s. 1-13. ISSN 0022-2836. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jmb.2022.167479>.

Phosphomimicking mutations \neq phosphorylation - a case study of 14-3-3 protein [Typ výsledku: a]

KOZELEKOVÁ, Aneta, Alexandra NÁPLAVOVÁ, Tomáš BROM, Zuzana TROŠANOVÁ, Petr LOUŠA a Jozef HRITZ. Phosphomimicking mutations \neq phosphorylation - a case study of 14-3-3 protein. In *XVIII Discussions in Structural Molecular Biology and 5th User Meeting of the Czech Infrastructure for Integrative Structural Biology*. 2022.

HOW PHOSPHORYLATION IMPACTS 14-3-3 ζ DIMERIZATION [Typ výsledku: a]

LOUŠA, Petr, Zuzana TROŠANOVÁ, Aneta KOZELEKOVÁ, Tomáš BROM, Norbert GAŠPARIK, Veronika WEISOVÁ, G. ŽOLDÁK a Jozef HRITZ. HOW PHOSPHORYLATION IMPACTS 14-3-3 ζ DIMERIZATION. In *XX. Workshop of Biophysical Chemists and Electrochemists*. 2020. ISBN 978-80-210-9655-4.

Monomer-dimer equilibria of 14-3-3 ζ protein. [Typ výsledku: a]

BROM, Tomáš, Zuzana TROŠANOVÁ, Petr LOUŠA, Norbert GAŠPARIK, Krishnendu BERA, Gabriel ŽOLDÁK a Jozef HRITZ. Monomer-dimer equilibria of 14-3-3 ζ protein. In *XVI. Discussions in Structural Molecular Biology*. 2019.

doc. RNDr. Michal Veselý, Ph.D.**Positivity of solutions of adapted generalized Riccati equation with consequences in oscillation theory [Typ výsledku: Jimp]**

HASIL, Petr a Michal VESELÝ. Positivity of solutions of adapted generalized Riccati equation with consequences in oscillation theory. *Applied Mathematics Letters*. Elsevier Ltd., 2021, roč. 117, July, s. "107118", 7 s. ISSN 0893-9659. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.aml.2021.107118>.

Averaging technique and oscillation criterion for linear and half-linear equations [Typ výsledku: Jimp]

HASIL, Petr, Jiřina ŠIŠOLÁKOVÁ a Michal VESELÝ. Averaging technique and oscillation criterion for linear and half-linear equations. *Applied Mathematics Letters*. Oxford: PERGAMON-ELSEVIER SCIENCE LTD, 2019, roč. 92, č. 2019, s. 62-69. ISSN 0893-9659. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.aml.2019.01.013>.

Modified Prüfer angle and conditional oscillation of perturbed linear and half-linear differential equations [Typ výsledku: Jimp]

HASIL, Petr a Michal VESELÝ. Modified Prüfer angle and conditional oscillation of perturbed linear and half-linear differential equations. *Applied Mathematics and Computation*. New York: ELSEVIER SCIENCE INC, 2019, roč. 361, NOV 15 2019, s. 788-809. ISSN 0096-3003. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.amc.2019.06.027>.

Conditionally oscillatory linear differential equations with coefficients containing powers of natural logarithm [Typ výsledku: Jimp]

HASIL, Petr a Michal VESELÝ. Conditionally oscillatory linear differential equations with coefficients containing powers of natural logarithm. *AIMS Mathematics*. American Institute of Mathematical Sciences, 2022, roč. 7, č. 6, s. 10681-10699. ISSN 2473-6988. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.3934/math.2022596>.

New conditionally oscillatory class of equations with coefficients containing slowly varying and periodic functions [Typ výsledku: Jimp]

HASIL, Petr a Michal VESELÝ. New conditionally oscillatory class of equations with coefficients containing slowly varying and periodic functions. *Journal of Mathematical Analysis and Applications*. San Diego: ACADEMIC PRESS INC ELSEVIER SCIENCE, 2021, roč. 494, č. 1, s. 1-22. ISSN 0022-247X. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jmaa.2020.124585>.

Mgr. Jakub Záhurecký, Ph.D.**Period-Doubling Bifurcation of Cycles in Retarded Functional Differential Equations [Typ výsledku: Jimp]**

ZÁTHURECKÝ, Jakub. Period-Doubling Bifurcation of Cycles in Retarded Functional Differential Equations. *Journal of Dynamics and Differential Equations*. Springer, 2023, 25 s. ISSN 1040-7294. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1007/s10884-023-10249-3>.

Formal Setting for Period Doubling Bifurcation of Limit Cycles [Typ výsledku: D]

ZÁTHURECKÝ, Jakub. Formal Setting for Period Doubling Bifurcation of Limit Cycles. In Skiadas, C.H., Dimotikalis, Y. 15th Chaotic Modeling and Simulation International Conference. Cham (Switzerland): Springer, 2023, s. 381-395. ISBN 978-3-031-27081-9. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-031-27082-6_27.

Coupled Fitzhugh-Nagumo Type Neurons Driven by External Voltage Stimulation [Typ výsledku: D]

ZÁTHURECKÝ, Jakub a Lenka PŘIBYLOVÁ. Coupled Fitzhugh-Nagumo Type Neurons Driven by External Voltage Stimulation. In Skiadas, C.H., Dimotikalis, Y. The 14th CHAOS 2021 International Conference. Cham: Springer, 2022, s. 537-550. ISBN 978-3-030-96963-9. Dostupné z: https://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-96964-6_37.

Coupled Fitzhugh-Nagumo Type Neurons Driven by External Voltage Stimulation [Typ výsledku: k]

ZÁTHURECKÝ, Jakub a Lenka PŘIBYLOVÁ. Coupled Fitzhugh-Nagumo Type Neurons Driven by External Voltage Stimulation. In The 14th CHAOS 2021 International Conference. 2021.

Mgr. Jiří Zelinka, Dr.**HERMES - A Software Tool for the Prediction and Analysis of Magnetic-Field-Induced Residual Dipolar Couplings in Nucleic Acids [Typ výsledku: Jimp]**

GIASSA, Ilektra-Chara, Andrea VAVRINSKÁ, Jiří ZELINKA, Jakub ŠEBERA, Vladimír SYCHROVSKÝ, Rolf BOELEN, Radovan FIALA a Lukáš TRANTÍREK. HERMES - A Software Tool for the Prediction and Analysis of Magnetic-Field-Induced Residual Dipolar Couplings in Nucleic Acids. *ChemPlusChem*. Weinheim: Wiley - Verlag Chemie, 2020, roč. 85, č. 9, s. 2177-2185. ISSN 2192-6506. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1002/cplu.202000505>.

Numerical Computation of the Small Balls Probability for Random Functions with Normal Components [Typ výsledku: Jsc]

ZELINKA, Jiří. Numerical Computation of the Small Balls Probability for Random Functions with Normal Components. *WSEAS Transactions on Mathematics*. Athény: WSEAS, 2020, roč. 19, č. 2020, s. 458-462. ISSN 1109-2769. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.37394/23206.2020.19.48>.

Mgr. Antonín Zita, M.A., Ph.D.**Introduction to Word and Sentence Stress [Typ výsledku: J]**

ZITA, Antonín. Introduction to Word and Sentence Stress. *Humanising Language Teaching*. Pilgrims, 2023, roč. 2023, č. 1. ISSN 1755-9715.

The Death of Joan Vollmer and Decoding William S. Burroughs' s Work [Typ výsledku: J]

ZITA, Antonín. The Death of Joan Vollmer and Decoding William S. Burroughs' s Work. *Moravian Journal of Literature and Film*. 2022, roč. 2018, 1-2, s. 21-40. ISSN 1803-7720.

The Beats: Authorships, Legacies [Typ výsledku: r]

ZITA, Antonín. The Beats: Authorships, Legacies. *Comparative American Studies An International Journal*. 2020, roč. 16, s. 194-196. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1080/14775700.2020.1731120>.

"Beatnik Wanton" : The Beat Generation, Paperbacks, and Pulp Fiction [Typ výsledku: k]

ZITA, Antonín. "Beatnik Wanton" : The Beat Generation, Paperbacks, and Pulp Fiction. 2019.

The Death of Joan Vollmer and Decoding William S. Burroughs' Work [Typ výsledku: k]

ZITA, Antonín. The Death of Joan Vollmer and Decoding William S. Burroughs' Work. 2019.

prof. Mgr. Lukáš Židek, Ph.D.**NMR Provides Unique Insight into the Functional Dynamics and Interactions of Intrinsically Disordered Proteins [Typ výsledku: Jimp]**

CAMACHO-ZARCO, Aldo R., Vincent SCHNAPKA, Serafima GUSEVA, Anton ABYZOV, Wiktor ADAMSKI, Sigrid MILLES, Malene Ringkjøbing JENSEN, Lukáš ŽÍDEK, Nicola SALVI a Martin BLACKLEDGE. NMR Provides Unique Insight into the Functional Dynamics and Interactions of Intrinsically Disordered Proteins. *CHEMICAL REVIEWS*. UNITED STATES: AMER CHEMICAL SOC, 2022, roč. 122, č. 10, s. 9331-9356. ISSN 0009-2665. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1021/acs.chemrev.1c01023>.

Quantitative Conformational Analysis of Functionally Important Electrostatic Interactions in the Intrinsically Disordered Region of Delta Subunit of Bacterial RNA Polymerase [Typ výsledku: Jimp]

KUBÁŇ, Vojtěch, Pavel SRB, Hana ŠTĚGNEROVÁ, Petr PADRTA, Milan ZACHRDLA, Zuzana JASEŇÁKOVÁ, H. SANDEROVA, D. VITOVSKA, L. KRASNÝ, T. KOVAL, J. DOHNALEK, J. ZIEMSKA-LEGIECKA, M. GRYNBERG, P. JARNOT, A. GRUCA, M.R. JENSEN, M. BLACKLEDGE a Lukáš ŽÍDEK. Quantitative Conformational Analysis of Functionally Important Electrostatic Interactions in the Intrinsically Disordered Region of Delta Subunit of Bacterial RNA Polymerase. *Journal of the American Chemical Society*. Washington: American Chemical Society, 2019, roč. 141, č. 42, s. 16817-16828. ISSN 0002-7863. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1021/jacs.9b07837>.

Structural Basis of Ca²⁺-Dependent Self-Processing Activity of Repeat-in-Toxin Proteins [Typ výsledku: Jimp]

KUBÁŇ, Vojtěch, P. MACEK, Jozef HRITZ, K. NECHVATALOVA, K. NEDBALCOVA, M. FALDYNA, Peter ŠEBO, Lukáš ŽÍDEK a L. BUMBA. Structural Basis of Ca²⁺-Dependent Self-Processing Activity of Repeat-in-Toxin Proteins. MBIO. Washington, D.C.: American Society for Microbiology, 2020, roč. 11, č. 2, s. 1-18. ISSN 2150-7511. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1128/mBio.00226-20>.

Choice of Force Field for Proteins Containing Structured and Intrinsically Disordered Regions [Typ výsledku: Jimp]

ZAPLETAL, Vojtěch, Arnošt MLÁDEK, Kateřina BENDOVIÁ, Petr LOUŠA, Erik NOMILNER, Zuzana JASEŇÁKOVÁ, Vojtěch KUBÁŇ, Markéta MAKOVICKÁ, Alice LANÍKOVÁ, Lukáš ŽÍDEK a Jozef HRITZ. Choice of Force Field for Proteins Containing Structured and Intrinsically Disordered Regions. Biophysical Journal. Bethesda, USA: Biophysical Society, 2020, roč. 118, č. 7, s. 1621-1633. ISSN 0006-3495. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.bpj.2020.02.019>.

Specific phosphorylation of microtubule-associated protein 2c by extracellular signal — regulated kinase reduces interactions at its Pro-rich regions [Typ výsledku: Jimp]

PLUCAROVÁ, Jitka, Séverine JANSEN, Subhash NARASIMHAN, Alice LANÍKOVÁ, Marc LEWITZKY, M. Stephan FELLER a Lukáš ŽÍDEK. Specific phosphorylation of microtubule-associated protein 2c by extracellular signal — regulated kinase reduces interactions at its Pro-rich regions. JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY. UNITED STATES: ELSEVIER, 2022, roč. 298, č. 10, s. 102384-102399. ISSN 0021-9258. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jbc.2022.102384>.

Mgr. Hana Žižková, Ph.D.

Is it Possible to Re-educate RoBERTa? Expert-driven Machine Learning for Punctuation Correction [Typ výsledku: Jsc]

MACHURA, Jakub, Hana ŽIŽKOVÁ, Adam FRÉMUND a Jan ŠVEC. Is it Possible to Re-educate RoBERTa? Expert-driven Machine Learning for Punctuation Correction. Jazykovedný časopis. Bratislava: Jazykovedný ústav Ľudovíta Štúra Slovenskej akadémie vied, 2023, roč. 74, č. 1, s. 357-368. ISSN 0021-5597. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.2478/jazcas-2023-0052>.

Developing Online Czech Proofreader Tool : Achievements, Limitations and Pitfalls [Typ výsledku: Jsc]

HLAVÁČKOVÁ, Dana, Hana ŽIŽKOVÁ, Klára DVOŘÁKOVÁ a Markéta PRAVDOVÁ. Developing Online Czech Proofreader Tool : Achievements, Limitations and Pitfalls. Bohemistika. Państwowa Wyższa Szkoła Zawodowa, 2022, roč. 22, č. 1, s. 122-134. ISSN 1642-9893. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.14746/bo.2022.1.7>.

Opravidlo [Typ výsledku: R]

HLAVÁČKOVÁ, Dana, Hana ŽIŽKOVÁ, Vojtěch KOVÁŘ, Jakub MACHURA, Ludmila ŠIKULOVÁ, Vojtěch MRKÝVKA, Markéta AUDY MASOPUSTOVÁ, Marek BLAHUŠ, Helena MEDKOVÁ, Zbyněk MICHÁLEK, Markéta PRAVDOVÁ, Sylva NZIMBA, Petr LOZAN, Klára DVOŘÁKOVÁ, Vladimír PETKEVIČ, Tomáš JELÍNEK a Hana SKOUMALOVÁ. Opravidlo. 2022.

Typ kladenští jako problém automatické morfologické analýzy [Typ výsledku: Jsc]

OSOLSOBĚ, Klára a Hana ŽIŽKOVÁ. Typ kladenští jako problém automatické morfologické analýzy. Jazykovedný časopis. SAP — Slovak Academic Press, s. r. o., 2022, roč. 72, č. 4, s. 862-872. ISSN 0021-5597. Dostupné z: <https://dx.doi.org/10.2478/jazcas-2022-0011>.

Homonymie mezi apelativy a proprii jako problém automatické morfologické analýzy češtiny [Typ výsledku: Jsc]

OSOLSOBĚ, Klára a Hana ŽIŽKOVÁ. Homonymie mezi apelativy a proprii jako problém automatické morfologické analýzy češtiny. Acta onomastica. AV ČR, Ústav pro jazyk český, 2020, roč. 61, č. 1, s. 161-174. ISSN 1211-4413.