### Překlad textu do češtiny:

**Biologická data:** Biologická data zahrnují širokou škálu informací týkajících se živých organismů a jejich procesů. Mezi hlavní typy biologických dat patří genomická data, proteomická data, metabolická data a fenotypová data. Tato data jsou klíčová pro pochopení biologických procesů a pro biomedicínský výzkum.

**Transkripce:** Transkripce je enzymatický proces, při kterém se genetická informace z DNA přepisuje do RNA. Tento proces zahrnuje několik kroků:

* **Iniciace:** RNA polymeráza se váže na startovací sekvenci nukleotidů, tzv. promotor DNA.
* **Elongace:** RNA polymeráza přidává ribonukleotidy do elongujícího vlákna RNA podle sekvence DNA.
* **Terminace:** Proces se zastaví, když RNA polymeráza dosáhne stop sekvenci, tzv. terminátor.

**Translace:** Translace je proces, při kterém se mRNA překládá na bílkoviny. Tento proces probíhá na ribozomech a zahrnuje:

* **Iniciace:** Malá ribozomální podjednotka se váže na mRNA a musí se dostat na správné místo na mRNA, tzv. start kodon AUG.
* **Elongace:** tRNA dodává aminokyseliny, které jsou spojeny peptidovými vazbami a tvoří polypeptidový řetězec.
* **Terminace:** Polypeptidový řetězec se uvolní, když ribozom dosáhne stop kodónu (UAA, UAG, UGA).

**Replikace:** Replikace je proces, při kterém se DNA kopíruje před dělením buňky. Tento proces zahrnuje:

* **Iniciace:** Rozvinutí dvojité šroubovice DNA na začátku replikace.
* **Elongace:** DNA polymeráza přidává nukleotidy do nového vlákna podle komplementárního vlákna.
* **Terminace:** Proces se končí, když je zhotovena kopie celé DNA.

**Databáze:** Biologické databáze jsou úložiště, která shromažďují, organizují a zpřístupňují biologická data. Příkladem jsou GenBank, Protein Data Bank (PDB) a Ensembl.

**Zarovnání sekvencí:** Zarovnání sekvencí je metoda porovnávání dvou nebo více biologických sekvencí (DNA, RNA nebo bílkovin) s cílem identifikovat oblasti podobnosti. Existují dva hlavní typy:

* **Globální zarovnání:** Metoda porovnávání dvou sekvencí, která zarovnává celou délku sekvencí a maximalizuje celkovou podobnost. Tato metoda se používá při porovnávání sekvencí stejné délky.
* **Lokální zarovnání:** Metoda, která zarovnává pouze oblasti s největší hustotou shody. To je užitečné pro identifikaci krátkých konzervovaných oblastí v proteinových nebo nukleotidových sekvencích.

**BLAST (Basic Local Alignment Search Tool):** Algoritmus pro rychlé porovnávání sekvencí s databází sekvencí. Dokáže identifikovat oblasti podobnosti mezi sekvencemi a předpovídat funkci genů a proteinů.

**Dotplot:** Grafická metoda pro porovnávání dvou biologických sekvencí, kde body na grafu představují podobné nukleotidy nebo aminokyseliny mezi sekvencemi. Je to typ rekurentního grafu.

**Homologie:** Podobnost mezi sekvencemi DNA, RNA nebo bílkovin, která je výsledkem společného evolučního původu. Homologní sekvence mohou být ortologické (vzniklé divergencí z jednoho genu u posledního společného předka) nebo paralogické (vzniklé duplikací genů v rámci jednoho organismu).

**Strukturální porovnávání:** Metoda porovnávání trojrozměrných struktur proteinů. Pomáhá pochopit funkční a evoluční vztahy mezi proteiny.

**Předpovídání struktury proteinů:** Metoda, která se pokouší předpovědět trojrozměrnou strukturu proteinu na základě sekvence aminokyselin. Mezi metody patří homologické modelování, ab initio modelování (používá se v případech, kdy pro protein, který nás zajímá, neexistují strukturální homology, a proto je třeba modelovat tento protein bez předchozích znalostí) a threading (modelování, které se používá na modelování těch proteinů, které mají stejný fold jako proteiny známé struktury, ale nemají homologické proteiny se známou strukturou).

**Homologické modelování:** Metoda konstrukce struktury neznámého proteinu na základě sekvence aminokyselin a znalosti struktury homologického proteinu (tzv. templátu).

**Blosum:** BLOSUM (BLOcks SUbstitution Matrix) je substituční matice používaná pro zarovnávání sekvencí proteinů. BLOSUM matice se používají pro hodnocení zarovnání mezi evolučně odlišnými sekvencemi proteinů. Jsou založeny na lokálních zarovnáních.

**Předpovídání sekundární struktury:** Předpovídání sekundární struktury zahrnuje předpovídání lokalizace alfa-šroubovic, beta-skládaných listů a smyček v sekvenci proteinu pouze na základě znalosti jejich primární struktury. Používají se metody jako Chou-Fasman a GOR.

**MSA (Multiple Sequence Alignment):** MSA je metoda současného porovnávání tří nebo více sekvencí, která identifikuje konzervované oblasti v rámci sekvencí. MSA je důležitá pro studium evolučních vztahů a pro předpovídání struktury a funkce proteinů.