**Biologické dáta**: Biologické údaje zahŕňajú širokú škálu informácií, ktoré sa týkajú živých organizmov a ich procesov. Medzi hlavné typy biologických údajov patria genomické údaje, proteomické údaje, metabolické údaje a fenotypové údaje. Tieto údaje sú kľúčové pre pochopenie biologických procesov a pre biomedicínsky výskum.

**Transkripcia**: Transkripcia je enzymatický proces, pri ktorom sa genetická informácia z DNA prepisuje do RNA. Tento proces zahŕňa niekoľko krokov:

1. Iniciácia = RNA polymeráza sa viaže na štartovaciu sekvenciu nukleotidov tzv. promotor DNA
2. Elongácia = RNA polymeráza pridáva ribonukleotidy do elongujúceho vlákna RNA podľa sekvencie DNA
3. Terminácia = proces sa zastaví, keď RNA polymeráza dosiahne stop sekvenciu tvz. terminátor

**Translácia**: Translácia je proces, pri ktorom sa mRNA prekladá na bielkoviny. Tento proces prebieha na ribozómoch a zahŕňa:

1. Iniciácia = Malá ribozomálna podjednotka sa viaže na mRNA musí sa dostať na správne miesto na mRNA tzv. na start kodon AUG.
2. Elongácia = tRNA dodáva aminokyseliny, ktoré sú spojené peptidovými väzbami a tvoria polypeptidový reťazec.
3. Terminácia = Polypeptidový reťazec sa uvoľní, keď ribozóm dosiahne stop kodón (UAA, UAG, UGA).

**Replikácia**: Replikácia je proces, pri ktorom sa DNA kopíruje pred delením bunky. Tento proces zahŕňa:

1. Iniciácia = rozvinutie dvojitej špirály DNA na začiatku replikácie
2. Elongácia = DNA polymeráza pridáva nukleotidy do nového vlákna podľa komplementárneho vlákna
3. Terminácia = proces sa končí, keď je zhotovená kópia celej DNA.

**Databáza**: Biologické databázy sú úložiská, ktoré zhromažďujú, organizujú a sprístupňujú biologické údaje. Príkladom sú GenBank, Protein Data Bank (PDB) a Ensembl.

**Sequence alignment**: Zarovnanie sekvencií je metóda porovnávania dvoch alebo viacerých biologických sekvencií (DNA, RNA alebo bielkovín) s cieľom identifikovať oblasti podobnosti. Existujú dva hlavné typy:

* Global alignment = je metóda porovnávania dvoch sekvencií, ktorá zarovnáva celú dĺžku sekvencií maximalizáciou celkovej podobnosti. Táto metóda sa používa pri porovnávaní sekvencií, ktoré majú rovnakú dĺžku.
* Lokálny alignment = namiesto toho, aby sa pokúsili zarovnať celú dĺžku sekvencií, zarovnajú sa len oblasti s najväčšou hustotou zhody. To je užitočné na identifikáciu krátkych konzervovaných oblastí v proteínových alebo nukleotidových sekvenciách.

**BLAST**: (Basic Local Alignment Search Tool) je algoritmus na rýchle porovnávanie sekvencií s databázou sekvencií. Dokáže identifikovať oblasti podobnosti medzi sekvenciami a predpovedať funkciu génov a proteínov.

**Dotplot**: je grafická metóda na porovnávanie dvoch biologických sekvencií, kde body na grafe predstavujú podobné nukleotidy alebo aminokyseliny medzi sekvenciami. Je to typ rekurenčného grafu.

**Homológia**: podobnosť medzi sekvenciami DNA, RNA alebo bielkovín, ktorá je výsledkom spoločného evolučného pôvodu. Homológne sekvencie môžu byť ortologické (vzniknuté divergenciou z jedného génu u posledného spoločného predka) alebo paralogické (vzniknuté duplikáciou génov v rámci jedného organizmu).

**Štrukturálne porovnávanie**: je metóda porovnávania trojrozmerných štruktúr proteínov. Pomáha pochopiť funkčné a evolučné vzťahy medzi proteínmi.

**Predpovedanie štruktúry proteínov**: metóda, ktorá sa pokúša predpovedať trojrozmernú štruktúru proteínu na základe sekvencie aminokyselín. Medzi metódy patrí homologické modelovanie, ab initio modelovanie(používa sa v prípadoch, keď pre proteín, ktorý nás zaujíma, neexistujú štrukturálne homológy, a preto je potrebné modelovať tento proteín bez predchádzajúcich znalostí) a threading (modelovanie, ktoré sa používa na modelovanie tých proteínov, ktoré majú rovnaký fold ako proteíny známej štruktúry, ale nemajú homologické proteíny so známou štruktúrou).

**Homologické modelovanie**: je metóda konštrukcie štruktúry neznámeho proteínu na základe sekvencie aminokyselín a znalosti štruktúry homologického proteínu (tzv. templátu).

**Blosum**: BLOSUM (BLOcks SUbstitution Matrix) je substitučná matica používaná na zarovnávanie sekvencií proteínov. BLOSUM matice sa používajú na hodnotenie zarovnaní medzi evolučne odlišnými sekvenciami proteínov. Sú založené na lokálnych zarovnaniach.

**Predpovedanie sekundárnej štruktúry**: Predpovedanie sekundárnej štruktúry zahŕňa predpovedanie lokalizácie alfa-špirál, beta-lístkov a slučiek v sekvencii proteínu len na základe znalosti ich primárnej štruktúry. Používajú sa metódy ako Chou-Fasman a GOR.

**MSA (Multiple Sequence Alignment)**: MSA je metóda súčasného porovnávania troch alebo viacerých sekvencií, ktorá identifikuje konzervované oblasti v rámci sekvencií. MSA je dôležitá na štúdium evolučných vzťahov a na predpovedanie štruktúry a funkcie proteínov.