



VŠCHT PRAHA

Hodina moderní chemie Bioinformatika

Autoři: Komando HMCH

Revize BOZP: RNDr. Ing. Marcela Skřehotová, MSc.

Hodina moderní chemie je popularizační projekt určený pro žáky základních škol a studenty středních škol (dále jen “studenti”), jejímž hlavním cílem je představit studentům atraktivním způsobem chemii jako důležitý a perspektivní obor, bez něhož se neobejde náš každodenní život. Tento scénář vychází z aktivit konaných v minulých letech a reflektuje zkušenosti lektorů s různými věkovými skupinami studentů a různými tematickými segmenty.

Toto shrnutí ovšem nepředstavuje fixní průběh hodiny, naopak, od lektorů se vyžaduje značná míra flexibility a schopnosti operativně reagovat na otázky studentů, či přizpůsobovat směr diskuze podle jejich zájmu. Záleží na lektorech samotných, jak hodinu pojmu a různých formách jejich prezentace. Přesto, že průběh hodiny je flexibilní a hravý, tak jednotlivé pokusy, které lektoři zařadí do programu edukačního pásma, jsou prováděny podle předem daných bezpečných a didakticky ověřených postupů a za použití všech potřebných osobních ochranných pracovních prostředků, jako jsou ochranné brýle, štíty, rukavice, oděv atd.

Základní předpoklady:

- celé pásmo je určené přesně nadvě vyučovací hodiny, tedy 90 min.
- protože se často prezentuje 4–6 vyučovacích hodin po sobě, musí být možná krátká příprava mezi hodinami (10 minut) a před začátkem vyučování (20 minut)
- hodinu vedou dva lektoři (to jednak umožňuje možnost jejich vzájemné diskuse a zároveň je to nutné z hlediska praktické a bezpečné přípravy pokusů během hodiny, kdy jeden lektor diskutuje se studenty a druhý se plně soustředí na přípravu a předvedení experimentu) – jet v jednom je schůdné pouze pro velice zkušené a šikovné lektory a přistupuje se k tomu pouze v organizační tísní.



VŠCHT PRAHA

1. Úvod – Co je bioinformatika (0:00–0:17)

- **Motivace a otevření diskuse: Otevírací otázka:** Lektor začne bez dlouhých úvodů přímo: „*Představte si, že máte knihovnu, která obsahuje 3 miliardy písmen. To je zhruba 10 000 tlustých knih. Ale je tu háček – někdo ty knihy roztrhal na miliardy malých proužků papíru a všechny je vysypal na jednu hromadu. Jak byste takovou knihovnu přečetli?*“ **Cíl:** Studenti pochopí základní problém genomiky – máme „text“ (DNA), ale nemáme jeho „obsah“ (posloupnost). Tato metafora s knihovnou okamžitě ilustruje, proč je potřeba bioinformatika. **Propojení s realitou:** Lektor dodá: „*Tohle není jen hra. Přesně tohle řeší vědci, když chtějí zjistit, proč někdo onemocní, nebo jaké geny dělají šampiona v běhu.*“
- **Vymezení oboru:** Lektor se zeptá: „*Když se řekne bioinformatik, co si představíte?*“ (Studenti pravděpodobně řeknou „ajták“, „programátor“). **Vysvětlení:** Lektor následně vysvětlí, že bioinformatika je **mostem mezi světy: Laborať (Biologie a Chemie):** „Bioinformatik musí vědět, jak DNA vzniká, jak se izoluje a jaké chemické reakce ji ničí. Bez pochopení chemie jsou data jen nesmyslná čísla.“ **Algoritmy (Matematika a Informatika):** „Je to jako detektivní práce – musíme vytvořit pravidla (algoritmy), která poznají, co v tom obrovském chaosu písmen dává smysl a co je jen šum.“ **Klíčové sdělení:** „*Bioinformatika není o sezení u monitoru. Je to o hledání odpovědí na otázky, na které samotná laborať nebo samotný počítač nestačí.*“
- **Vizualizace: Fyzická ukázka:** Lektor vytáhne 3D tištěné modely dvojšroubovice a předá je do skupin. „*Podívejte se na to. Tohle není jen obrázek v učebnici. Tohle je fyzická molekula, která určuje všechno – od barvy vašich očí až po to, jak tělo bojuje s viry.*“ **Interaktivní výzva:** Lektor vyzve studenty: „*Zkuste ten model 'rozplést' a znovu složit. Všimněte si, jak jsou jednotlivé páry bází (písmena A, T, C, G) do sebe zaklesnuté. Kdyby se jeden řetězec poškodil, jak snadno byste podle toho druhého poznali, co tam původně bylo?*“ (Toto je přímý úvod k principu párování bází a následnému sekvenování).

2. Pokus 1: Izolace DNA z jahody (0:17–0:37)

- Tento blok promění abstraktní pojmy v hmatatelnou realitu. Studenti přestanou vnímat DNA jako „písmenka v počítači“ a uvidí ji jako fyzickou látku, která je součástí každého živého organismu.
- **A. Motivace: „Hmatatelný život“ : Otevírací otázka:** Lektor se zeptá: „*Když se podíváte na jahodu, vidíte v ní DNA? Kde vlastně uvnitř té jahody je?*“ **Klíčové sdělení:** „*Dnes si z jahody vyizolujeme její genetický 'recept'. Uvidíte, že to není nic magického, ale čistá chemie, kterou zvládnete i v kuchyni.*“



VŠCHT PRAHA

B. Praktický postup: „Laborať v lavici“ : Lektor vede studenty krok za krokem. Je důležité, aby lektori obcházeli skupinky a kontrolovali, zda studenti pracují správně. **Mechanická dezintegrace:** Studenti vloží jahodu do uzavratelného sáčku a důkladně ji rozdrtí rukama. **Vysvětlení:** „Tímto krokem mechanicky rozbijíme tuhé buněčné stěny rostlinných buněk, aby se obsah buňky uvolnil ven“. **Chemická extrakce:** Studenti do sáčku přidají extrakční směs (detergent a sůl) a promíchají. **Vysvětlení:** „Detergent (jar) funguje jako 'rozpuštědlo tuků'. Buněčné membrány jsou tvořeny tuky, jar je rozruší a DNA se vyplaví do roztoku. Sůl nám pomáhá udržet molekuly DNA pohromadě“. **Filtrace:** Směs se přefiltruje přes gázu do zkumavky. **Vysvětlení:** „Zbavujeme se 'hrubého odpadu' – zbytků buněčných stěn a tkání, které v našem vzorku nechceme“. **Precipitace (vysrážení):** Studenti opatrně po stěně přilijí studený ethanol. **Vysvětlení:** „DNA se v lihu nerozpouští. Jakmile se dotkne vrstvy ethanolu, začne se shlukovat do velkých chomáčů, které uvidíte jako bílá, mlhavá vlákna“

3. Pokus 2: Jak se čte DNA – Sekvenování (0:37–0:45)

A. Motivace: „Od izolace k informaci“ : Otevírací otázka: Lektor se zeptá: „Máme v ruce izolovanou DNA. Je to jako mít v ruce zašifrovaný pevný disk. Jak z těch miliard písmen vytáhneme ten konkrétní recept na život?“. **Klíčové sdělení:** „Sekvenování je proces 'čtení' pořadí nukleotidů (A, T, C, G). Bez něj bychom věděli, že DNA existuje, ale nevěděli bychom, co v ní je napsáno.“

B. Historický exkurz: Sangerovo sekvenování: Princip: Lektor krátce a zjednodušeně vysvětlí metodu Fredericka Sangera (rok 1990). Metoda využívala radioaktivitu a postupné „ukončování“ řetězců, což bylo velmi pomalé a pracné. **Proč to zmiňujeme:** „Dříve trvalo přečtení jednoho genu týdny. Dnes je to otázka minut.“ **Inovace:** Zmínka o přechodu na fluorescenční značení, které umožnilo počítačům automaticky identifikovat písmena.

C. Moderní éra: Masivní paralelní sekvenování : Technologie 2. a 3. generace: Lektor představí revoluci v oboru – masivní paralelní sekvenování (např. Illumina).: **Demonstrace:** Lektori nechají kolovat sekvenační destičky (např. NextSeq). **Názorný příklad:** „Na této jedné malé destičce dokážeme přečíst 200 milionů sekvencí najednou“. **Miniaturizace:** Studenti uvidí, jak se technologie vyvíjí – kupujete stroj za miliony, který může být za pár let zastaralý. **Současnost:** Lektor zdůrazní, že dnes již existují sekvenátory tak malé, že se vejdou do mobilního telefonu a umožňují číst DNA přímo v terénu.



VŠCHT PRAHA

Liquid biopsy

DNA sequencing : Next Generation Sequencing



D. Reflexe a diskuse: Klíčová úvaha: Lektor položí otázku: „Když dokážeme takto rychle číst miliardy písmen, v čem je dnes ten hlavní problém? Je to v tom čtení, nebo v něčem jiném?“ **Cíl:** Navést studenty k tomu, že největší výzvou není získání dat, ale jejich následné skládání a interpretace – což nás přirozeně vede k další aktivitě: **sestavování genomu**.

4. Aktivita 1: Skládání genomu (Assembly) (0:45–1:00)

A. Motivace: „Puzzle života“ : Problém: Lektor položí otázku: „Sekvenátor nám neřekne, jak jdou fragmenty za sebou, jen nám 'vyplivne' miliardy krátkých útržků. Jak zjistíme, co k čemu patří?“ **Klíčové sdělení:** „Tento proces se nazývá 'assembly' (sestavování). Je to jako skládat puzzle, ale bez předlohy na krabici.“

B. Průběh aktivity: „Strategie skládání“: Organizace: Každá z 5 skupin dostane rozstříhaný text v několika kopiích (popřípadě s posuny). **Metodika:** Studenti musí pomocí identifikace „překryvů“ (overlapů) mezi jednotlivými ústřížky sestavit původní zprávu (básničku začínající „U tabule...“) **Role lektora:** Vysvětlit princip překryvů pomocí slajdů – ukázat dvě kartičky a vysvětlit, co přesně znamená shoda v textu. Obcházet skupiny a pomáhat těm, které se ztratí.

C. Bioinformatický šum a chyby: Realistické chyby: Lektor zdůrazní, že reálná data nejsou dokonalá. **Instrukce:** Studenti v textu naleznou hvězdičky a podtržítka, která představují chyby vznikající při sekvenování. **Klíčové sdělení:** „Tyto znaky nemají žádný význam a mají být ignorovány. Stejně tak se v reálných datech setkáváme s chybami v písmenech, které musí algoritmus umět odfiltrovat“.

D. Reflexe: Závěr: Po poskládání studenti čtou výsledný text nahlas v navazujícím pořadí. **Propojení:** Lektor krátce ukáže (např. na slajdech 14, 15), jak tento proces vypadá v praxi při skládání genomu, například u rostlin, jako je mrkev.



VŠCHT PRAHA

5. Aktivita 2: DNA jako hudba (1:00–1:15)

A. Motivace: „Genetická symfonie“: *Otevírací otázka:* Lektor se zeptá: „Kdybychom každému 'písmenu' DNA (A, T, C, G) přiřadili jeden tón, jak by zněl život? Byla by to jen náhodná kakofonie zvuků, nebo by tam byla nějaká melodie?“ **Klíčové sdělení:** „Geny nejsou náhodné shluky písmen. Mají svůj vnitřní řád a logiku. Dnes si zkusíme poslechnout, jestli to náš mozek dokáže rozpoznat.“

B. Poslechová analýza: Průběh: Lektor pustí dvě krátké audionahrávky (každá cca 30 sekund): **Vzorek 1:** Vygenerovaná náhodná sekvence. **Vzorek 2:** Gen pro tvorbu hedvábí (*Trichonephila clavipes*). **Úkol pro studenty:** Studenti ve skupinách hlasují, která skladba odpovídá skutečnému genu a která je pouze náhodným šumem.

C. Výklad: Od sekvence k funkci: Rozbor výsledků: Lektor vysvětlí, proč „genová“ nahrávka zní jinak – obsahuje opakující se motivy, které odpovídají funkčním částem proteinu. **Jak hledáme geny:** Lektor vysvětlí, že bioinformatické algoritmy vyhledávají v genomu specifické vzorce (např. u bakterie *Rhodobacter capsulatus*), které signalizují přítomnost genu. **Technologické propojení:** Krátká zmínka o nástroji **AlphaFold2**, který v roce 2020 způsobil revoluci tím, že dokáže předpovědět 3D strukturu proteinu pouze na základě jeho genové sekvence. **Genetické čipy:** Lektor ukáže genetický čip (fyzickou destičku s próbami na tisíce genů). „Když odebereme tkáň, extrahujeme z ní obsah a nalijeme ho na tento čip, rozsvítí se nám, které geny jsou v daný moment 'zapnuté' (aktivní)“

6. Aktivita 3: Pátrání po pachateli (1:15–1:25)

Tato detektivní hra není jen zábavou, ale reálnou simulací forenzní genetiky. Studenti v rolích vědeckých vyšetřovatelů aplikují své znalosti o genech a alelách k vyřešení případu.

A. Motivace: „Forensics v praxi“: *Otevírací otázka:* Lektor se zeptá: „Máme na místě činu biologický vzorek. Jak ale poznáme, že patří zrovna Tarzanovi a ne někomu jinému? Jak můžeme využít to, co už víme o genech, k identifikaci člověka?“ **Klíčové sdělení:** „Dnes nebudeme jen luštit kód, budeme dělat genetickou detektivní práci. Vaším úkolem je na základě analýzy DNA najít pachatele.“

B. Průběh a metodika: Materiály: Každá skupinka obdrží kompletní „vyšetřovací spis“, který obsahuje: **Gene Cards:** Popis funkcí konkrétních genů. **Protokol:** Výsledky analýzy alel nalezených na místě činu. **Obrázky podezřelých:** Galerie potenciálních viníků. **Pracovní postup:** Studenti postupně porovnávají genetické znaky v protokolu s informacemi na „gene cards“. Na základě shody či neshody postupně vyřazují jednotlivé podezřelé. **Pravidlo pro lektory:** Je nutné zdůraznit, že **jedna gene card vylučuje vždy právě jednu osobu.**



VŠCHT PRAHA

C. Role lektora: Navigace: Lektori aktivně obcházejí skupiny a pomáhají s interpretací textů na „gene cards“, pokud studenti narazí na odbornou terminologii, které nerozumí. **Řešení chyb:** Pokud skupině zbyde jiný podezřelý než Tarzan (což se občas stane kvůli chybné interpretaci na začátku), lektor je nenechá ve frustraci. Místo toho s nimi projde logiku vyřazování krok za krokem. **Prezentace:** Každá skupinka na konci oznámí svého podezřelého a musí ukázat jeho obrázek. Pokud dojde ke shodě u všech skupin, lektor vybere jednu skupinu, aby vysvětlila funkci genu MC1R a jeho vliv na fenotyp

7. Závěr (1:25–1:30)

A. Shrnutí a reflexe: Klíčové shrnutí: Lektor stručně shrne hlavní poselství hodiny: „Dnes jsme si ukázali, že bioinformatika není jen o sezení u počítače, ale o komplexním přístupu k životu“. „Prošli jsme cestu od izolace fyzické molekuly DNA, přes její sekvenování, až po analýzu dat, která nám pomáhá v medicíně, farmacii i kriminalistice“. **Diskuze:** Krátký prostor pro poslední dotazy studentů, které mohou směřovat jak k probíraným pokusům, tak k obecným otázkám o biologii a informatice.

B. Propagace studia na VŠCHT Praha: Informační materiály: Lektori rozdají propagační materiály VŠCHT Praha. **Možnosti studia:** Lektor krátce představí možnosti studia bioinformatiky na VŠCHT Praha. Zdůrazní, že jde o perspektivní obor, bez kterého se moderní věda neobejde. Odkáže studenty na další zdroje informací, například na videozáznamy pravidelných přednášek pro studenty prvních ročníků bakalářského studia, které jsou dostupné online.

C. Oficiální ukončení: Poděkování: Lektor poděkuje studentům za aktivní účast, spolupráci v týmech a za jejich přínosnou interakci během hodiny. **Pozvání:** „Dveře na VŠCHT jsou vám otevřené, pokud vás dnešní svět bioinformatiky zaujal, najdete u nás prostor pro další bádání.“