

PW14a - Analiza porównawcza białek z wykorzystaniem algorytmu semihomologii genetycznej - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	PW14a - Analiza porównawcza białek z wykorzystaniem algorytmu semihomologii genetycznej
Kod przedmiotu	13.9-WB-Biol2P-Biol.-S16
Wydział	Wydział Nauk Biologicznych
Kierunek	Biologia
Profil	ogólnoakademicki
Rodzaj studiów	pierwszego stopnia z tyt. licencjata
Semestr rozpoczęcia	semestr zimowy 2018/2019

Informacje o przedmiocie	
Semestr	6
Liczba punktów ECTS do zdobycia	1
Typ przedmiotu	obowiązkowy
Język nauczania	polski
Sylabus opracował	dr hab. Jacek Leluk, prof. UZ

Formy zajęć					
Forma zajęć	Liczba godzin w semestrze (stacjonarne)	Liczba godzin w tygodniu (stacjonarne)	Liczba godzin w semestrze (niestacjonarne)	Liczba godzin w tygodniu (niestacjonarne)	Forma zaliczenia
Wykład	15	1	9	0,6	Zaliczenie na ocenę

Cel przedmiotu

Celem przedmiotu jest opanowanie metod teoretycznej analizy porównawczej białkowych sekwencji spokrewnionych (homologicznych). Poznanie statystycznych i niestatystycznych metod analizy oraz umiejętność oceny przydatności każdej z nich. Zapoznanie się szczegółowe z konstrukcją i działaniem algorytmu semihomologii genetycznej w analizie porównawczej sekwencji homologicznych.

Wymagania wstępne

Obsługa komputera i internetu. Obsługa ogólnoużytkowych programów przewidzianych w programie przedmiotu "Podstawowe zastosowania komputerów". Ukończony kurs z biochemii.

Zakres tematyczny

Zapoznanie się z metodami analizy porównawczej spokrewnionych sekwencji białkowych. Metody dopasowania sekwencji homologicznych. Ocena skuteczności zastosowanej metody. Metody statystyczne i niestatystyczne analizy porównawczej białek. Charakterystyka stochastycznych macierzy PAM i BLOSUM - wady i zalety ich stosowania. Algorytm semihomologii genetycznej - budowa algorytmu i wstępne założenia. Zastosowanie programu GEISHA3 stosującego algorytm semihomologii genetycznej do analizy porównawczej białek i śledzenia procesu zmienności ewolucyjnej na poziomie molekularnym. Wykorzystanie algorytmu semihomologii genetycznej do wykrywania i wyjaśniania procesów zmienności ewolucyjnej w białkach homologicznych (wykrywanie mutacji innych niż pojedyncza tranzycja/transwersja, wyjaśnienie pojawiania się pozycji o nadmiernej zmienności mutacyjnej, wirtualna odwrotna translacja - odtwarzanie domniemanego kodu genetycznego dla białek homologicznych)

Metody kształcenia

Wykład z prezentacjami multimedialnymi (PowerPoint) oraz korzystaniem z bioinformatycznych serwisów i baz danych online. Korzystanie z programów służących do dopasowania homologicznych sekwencji białkowych - statystycznych (ClustalX, Multalign, K-Align, T-Coffee) i niestatystycznych (Geisha3). Ćwiczenia praktyczne z wykorzystaniem biologicznych baz danych i specjalistycznego oprogramowania bioinformatycznego. Korzystanie z materiału zdalnego nauczania (e-learning).

Efekty uczenia się i metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
ma wiedzę w zakresie podstaw analizy teoretycznej stosowanej w biologii molekularnej	K_W21	- kolokwium - test końcowy	Wykład
wykorzystuje wiedzę z zakresu metod teoretycznych i empirycznych stosowanych w naukach przyrodniczych	K_U11	- kolokwium - konspekt - test końcowy	Wykład
wykazuje umiejętność poprawnego wnioskowania na podstawie danych pochodzących z teoretycznej analizy problemu biologicznego	K_U05	- egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne - konspekt - obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	Wykład

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
docenia istotność posiadania podstawowej wiedzy przyrodniczej dla zrozumienia wielu innych dziedzin nauk biologicznych, dostrzega, na czym polega rzetelność w prowadzeniu badań	• K_K01 • K_K02	• konspekt • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład
zna i rozumie podstawowe zjawiska i procesy z zakresu biochemii i biologii molekularnej	• K_W04 • K_W19	• bieżąca kontrola na zajęciach • dyskusja	• Wykład
korzysta ze źródeł literaturowych oraz innych źródeł (strony internetowe), potrafi interpretować i łączyć w spójną całość uzyskane informacje biologiczne	• K_U02 • K_U03	• bieżąca kontrola na zajęciach	• Wykład
rozwiązuje zadania z wykorzystaniem metod matematycznych oraz technik bioinformatycznych	• K_U05 • K_U11	• kolokwium • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład
stosuje podstawowe algorytmy i techniki bioinformatyczne do opisu zjawisk i analizy danych	• K_U05 • K_U11	• kolokwium • konspekt • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład
w interpretacji zjawisk i procesów przyrodniczych opiera się na podstawach empirycznych, rozumiejąc w pełni znaczenie metod matematycznych, statystycznych i informatycznych	• K_U05 • K_U11	• dyskusja • konspekt • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład
zna i rozumie podstawowe pojęcia matematyczne niezbędne do opisu zjawisk i procesów przyrodniczych	• K_W13	• bieżąca kontrola na zajęciach • kolokwium	• Wykład
potrafi czytać ze zrozumieniem napisane w języku angielskim teksty naukowe, raporty, instrukcje i inne teksty użytkowe	• K_U04	• bieżąca kontrola na zajęciach	• Wykład
potrafi zastosować metody matematyczne do modelowania zjawisk przyrodniczych	• K_U11	• dyskusja • kolokwium • konspekt • praca kontrolna	• Wykład

Warunki zaliczenia

Test zaliczeniowy.

Ocena końcowa to zaliczenie na ocenę uzyskaną w wyniku rozwiązania testu zaliczeniowego.

Literatura podstawowa

1. Baxevanis, A.D, Ouellette, B.F.F. (red.), Bioinformatyka, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2004.
2. Berg, J.M, Tymoczko, J.L. , Stryer, L., Biochemia, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2005, wydanie III zmienione
3. Leluk, J. (1998) A new algorithm for analysis of the homology in protein primary structure. Computers & Chemistry, 22, 123-131.
4. Leluk, J. (2000) A non-statistical approach to protein mutational variability. BioSystems, 56, 83-93.

Literatura uzupełniająca

1. Leluk, J., Hanus-Lorenz, B. Sikorski, A.F. (2001) Application of genetic semihomology algorithm to theoretical studies on various protein families. Acta Biochim. Polon., 48, 21-33.

Uwagi

Zmodyfikowane przez dr Renata Grochowalska (ostatnia modyfikacja: 13-06-2018 19:39)

Wygenerowano automatycznie z systemu SylabUZ