

PW15b - Statystyczne i niestatystyczne metody analizy porównawczej białek - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	PW15b - Statystyczne i niestatystyczne metody analizy porównawczej białek
Kod przedmiotu	13.9-WB-Biol2P-Biolog.-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	2
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
Laboratorium	15	1	9	0,6	Zaliczenie na ocenę
Wykład/Zdalne	15	1	9	0,6	Zaliczenie na ocenę

Cel przedmiotu

Celem przedmiotu jest zapoznanie się ze statystycznymi i niestatystycznymi metodami analizy porównawczej białek. Porównanie skuteczności i wiarygodności obu rodzajów metod. Szczegółowe zapoznanie się z powszechnie stosowanymi metodami analizy porównawczej opartymi o stochastyczne macierze PAM i BLOSUM, oraz z algorytmem semihomologii genetycznej jako przykładu aplikacji niestatystycznej. Wady i zalety przedstawionych aplikacji.

Wymagania wstępne

Wykład z prezentacjami multimedialnymi (PowerPoint) oraz korzystaniem z bioinformatycznych serwisów i baz danych online oraz specjalistycznego oprogramowania bioinformatycznego. Ćwiczenia praktyczne z wykorzystaniem biologicznych baz danych i specjalistycznego oprogramowania bioinformatycznego.

Zakres tematyczny

Charakterystyka podstawowych założeń statystycznych aplikacji służących do analizy porównawczej sekwencji białkowych. Konsekwencje stosowania aplikacji opartych na macierzach PAM i BLOSUM w interpretacji procesów zmienności mutacyjnej na poziomie fenotypowym białek. Algorytm semihomologii genetycznej - jako przykład alternatywnej niestatystycznej aplikacji do analizy porównawczej białek. Charakterystyka algorytmu semihomologii genetycznej i jego fundamentalnych założeń. Informacje jakie można uzyskać w wyniku zastosowania aplikacji statystycznych i niestatystycznych. Wartość poznawcza poszczególnych aplikacji. Wiarygodność otrzymywanych wyników.

Metody kształcenia

Wykład z prezentacjami multimedialnymi (PowerPoint) oraz korzystaniem z bioinformatycznych serwisów i baz danych online oraz specjalistycznego oprogramowania bioinformatycznego. 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
zna i rozumie podstawowe zjawiska i procesy z zakresu biochemii i biologii molekularnej	K_W04 K_W19	- dyskusja - kolokwium	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
stosuje podstawowe algorytmy i techniki bioinformatyczne do opisu zjawisk i analizy danych	K_U11	- kolokwium - konspekt - obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
wykazuje umiejętność poprawnego wnioskowania na podstawie danych pochodzących z teoretycznej analizy problemu biologicznego	K_U05	- dyskusja - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
rozwiązuje zadania z wykorzystaniem metod matematycznych oraz technik bioinformatycznych	K_U11	- kolokwium - test końcowy	- Wykład/Zdalne - Laboratorium

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
zna i rozumie podstawowe pojęcia matematyczne niezbędne do opisu zjawisk i procesów przyrodniczych	K_W13	- kolokwium - konspekt - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
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	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
ma wiedzę w zakresie podstaw analizy teoretycznej stosowanej w biologii molekularnej	K_W19	- kolokwium - test końcowy	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
wykorzystuje wiedzę z zakresu metod teoretycznych i empirycznych stosowanych w naukach przyrodniczych	K_U11	- kolokwium - obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
potrafi zastosować metody matematyczne do modelowania zjawisk przyrodniczych	K_U11	- dyskusja - egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne - konspekt	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
docenia istotność posiadania podstawowej wiedzy przyrodniczej dla zrozumienia wielu innych dziedzin nauk biologicznych, dostrzega, na czym polega rzetelność w prowadzeniu badań	K_K02	- dyskusja - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład/Zdalne - Laboratorium

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. Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, 2011
3. Higgs Paul G., Attword Teresa K., Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2008.

Literatura uzupełniająca

Uwagi

Zmodyfikowane przez dr Renata Grochowalska (ostatnia modyfikacja: 13-06-2018 19:41)

Wygenerowano automatycznie z systemu SylabUZ