

Bioinformatyka - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	Bioinformatyka
Kod przedmiotu	13.9-WB-BMD-Bioinf-L-S14_pNadGenK87YO
Wydział	Wydział Nauk Biologicznych
Kierunek	Biologia / Biologia molekularna
Profil	ogólnoakademicki
Rodzaj studiów	drugiego stopnia z tyt. magistra
Semestr rozpoczęcia	semestr zimowy 2018/2019

Informacje o przedmiocie	
Semestr	4
Liczba punktów ECTS do zdobycia	5
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	30	2	-	-	Zaliczenie na ocenę
Wykład	15	1	-	-	Egzamin

Cel przedmiotu

Zdobycie wiedzy na temat początków i rozwoju dziedziny bioinformatyki, Poznanie bioinformatycznych metod badawczych, niestosowanych obecnie oraz stosowanych do dnia dzisiejszego. Zapoznanie się i rozumienie układu strukturalnego budowy biologicznych baz danych. Korzystanie z sekwencyjnych i strukturalnych baz danych (Swiss-Prot, TREMBL, PDB). Zapoznanie się z fundamentalnymi zasadami funkcjonowania aplikacji służących do teoretycznych badań porównawczych sekwencji biologicznych. Rozumienie i umiejętność właściwego doboru narzędzi statystycznych i niestatystycznych w konkretnych badaniach porównawczych. Konstrukcja macierzy stochastycznych opisujących substytucje aminokwasowe w procesie zmienności mutacyjnej oraz diagramu relacji genetycznych między aminokwasami. Korzystanie z publicznie dostępnych usług bioinformatycznych (BLAST, zasoby genomowe). Korzystanie z biologicznych baz literaturowych (PubMed). Obsługa publicznie dostępnych aplikacji bioinformatycznych. Prawidłowe interpretowanie uzyskanych wyników analizy teoretycznej na poziomie molekularnym i mezoskopowym. Pozyskiwanie pełnej możliwej informacji o parametrach strukturalnych białek i kwasów nukleinowych, mechanizmach zmienności, relacjach sekwencja-struktura-funkcja-zmienność. Umiejętność oszacowania istotności podobieństwa porównywanych sekwencji i struktur molekularnych (SSSS). Poznanie różnych sposobów zastosowania modeli Markowa do interpretacji zjawisk i procesów biologicznych na różnych poziomach organizacji. Umiejętność oszacowania prawidłowości takiej interpretacji w konkretnych badaniach. Prawidłowe wzajemne dopasowywanie wielu sekwencji homologicznych. Zapoznanie się i umiejętność korzystania z oprogramowania do analizy zmienności mutacyjnej w homologicznych rodzinach białek (program ConSurf, program Talana). Umiejętność korzystania z oprogramowania do analizy mutacji sprzężonych na poziomie białek (program Corm). Umiejętność wyboru właściwej metody oraz porównania ich wartości poznawczej w konkretnej analizie teoretycznej. Umiejętność korzystania z programów do wizualizacji i analizy struktur molekularnych (Rasmol, WebLab Viewer, VMD, DSVisualizer17). Właściwy dobór narzędzi (oprogramowania i baz danych) do skutecznej i prawidłowej realizacji projektów badawczych w zakresie molekularnej analizy teoretycznej układów biologicznych.

Wymagania wstępne

Obsługa komputera i internetu. Obsługa ogólnoużytkowych programów przewidzianych w programie przedmiotu "Podstawowe zastosowania komputerów". Zaliczony pozytywnie kurs "Wstęp do bioinformatyki i proteomiki".

Zakres tematyczny

Ogólna charakterystyka struktury i organizacji najpopularniejszych baz. Przegląd narzędzi i algorytmów do analizy porównawczej sekwencji biologicznych. Metody statystyczne i niestatystyczne analizy porównawczej. Algorytm semihomologii genetycznej. Metody badań podobieństwa sekwencji biologicznych. Istotne kryteria analizy porównawczej sekwencji. Biologiczne mechanizmy zmienności mutacyjnej na poziomie molekularnym. Markowowska i niemarkowowska interpretacja ewolucyjnego różnicowania się białek. Przegląd metod i algorytmów stosowanych do konstruowania molekularnych drzew filogenetycznych. Dopasowywanie sekwencji białkowych przy użyciu programu ClustalX. Dopasowywanie pary sekwencji oraz wielu sekwencji w oparciu o algorytm semihomologii genetycznej i program GEISHA. Analiza wyników graficznych dot matrix porównywania dwóch sekwencji. Lokalizacja przerw, identyfikacja sekwencji zduplikowanych (zmultiplikowanych). Teoretyczna charakterystyka białka na podstawie znanej jego sekwencji aminokwasowej. Przewidywanie procentowego udziału struktur drugorzędowych w cząsteczce białkowej. Szczegółowa analiza zmienności mutacyjnej w rodzinach białek homologicznych. Identyfikacja i charakterystyka obszarów zmiennych i konserwatywnych. Szczegółowa analiza, identyfikacja i charakterystyka mutacji sprzężonych, występujących w grupach białek spokrewnionych. Graficzna wizualizacja wynikówna strukturach przestrzennych białek.

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 osiągania efektów uczenia się

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
dokonyuje analizy, selekcji i właściwego łączenia uzyskanych informacji literaturowych oraz informacji pochodzących z innych źródeł		• aktywność w trakcie zajęć • dyskusja • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Laboratorium
zna specjalistyczne narzędzia bioinformatyczne		• aktywność w trakcie zajęć • kolokwium • praca kontrolna	• Wykład • Laboratorium
rozumie konieczność pogłębiania wiedzy z biologii w oparciu o literaturę fachową, w tym publikacje angielskojęzyczne		• aktywność w trakcie zajęć • konspekt • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład • Laboratorium
korzysta ze źródeł literaturowych i zasobów internetowych (w języku polskim i angielskim) i wykorzystuje pozyskane tą drogą informacje przy realizacji zadań badawczych		• aktywność w trakcie zajęć • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład • Laboratorium
posługuje się specjalistycznymi narzędziami i technikami badawczymi w obrębie specyfiki określonej specjalności na kierunku biologia		• aktywność w trakcie zajęć • kolokwium • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Laboratorium
tworzy modele biologiczne w oparciu o znajomość zagadnień matematycznych		• aktywność w trakcie zajęć • bieżąca kontrola na zajęciach • kolokwium	• Wykład • Laboratorium
potrafi stosować techniki bioinformatyczne i metody statystyczne do opisu złożonych zjawisk i analizy danych		• aktywność w trakcie zajęć • kolokwium • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach • praca kontrolna	• Wykład • Laboratorium
podejmując działania w zakresie realizowanych zadań badawczych dostrzega potrzebę przedsiębiorczości i kreatywnego myślenia		• konspekt • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład • Laboratorium
wykazuje umiejętność przygotowania i prezentowania (prezentacja multimedialna, wystąpienie ustne etc.) problemów naukowych z zakresu biologii, w tym wyników swoich badań		• aktywność w trakcie zajęć • konspekt • odpowiedź ustna	• Laboratorium

Warunki zaliczenia

Wykład - warunkiem zaliczenia jest uzyskanie pozytywnej oceny z końcowego testu egzaminacyjnego

Laboratorium - warunkiem zaliczenia jest uzyskanie pozytywnych ocen ze wszystkich ćwiczeń laboratoryjnych, przewidzianych do realizacji w ramach programu laboratorium, oraz pozytywne zaliczenie testu końcowego.

Literatura podstawowa

1. Baxevanis, A.D, Ouellette, B.F.F. (red.), Bioinformatyka, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2004.Podobnie postępuj w przypadku kolejnych pozycji bibliograficznych literatury podstawowej wciskając [Enter]. Pamiętaj o kolejności: autor, tytuł, wydawnictwo, miejsce, rok wydania! Przed wciśnięciem [Enter] skasuj ukryty tekst: „Podobnie ...”.
2. Berg, J.M, Tymoczko, J.L. , Stryer, L., Biochemia, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2005, wydanie III zmienione
3. Fasold, H., Budowa białek, PWN Warszawa, 1977
4. Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, 2011
5. Higgs Paul G., Attword Teresa K., Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2008.

Literatura uzupełniająca

Uwagi

