

Wykład V - Projektowanie białek - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	Wykład V - Projektowanie białek
Kod przedmiotu	13.6-WB-BioIT-PB-W-S14_pNadGen7WBY2
Wydział	Wydział Nauk Biologicznych
Kierunek	Biologia
Profil	ogólnoakademicki
Rodzaj studiów	doktoranckie
Semestr rozpoczęcia	semestr zimowy 2016/2017

Informacje o przedmiocie	
Semestr	3
Liczba punktów ECTS do zdobycia	4
Typ przedmiotu	obowiązkowy
Język nauczania	polski
Sylabus opracował	<ul style="list-style-type: none">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	30	2	-	-	Egzamin

Cel przedmiotu

Poznanie bioinformatycznych metod badawczych w modelowaniu molekularnym, przewidywaniu struktur białkowych oraz projektowaniu białek o konkretnej funkcji biologicznej. Korzystanie z sekwencyjnych i strukturalnych baz danych (UniProtKB, TrEMBL, PDB). Zapoznanie się z mechanizmami przyjmowania i stabilizacji struktur białkowych. Umiejętność właściwego doboru narzędzi do przewidywania struktur białkowych i modelowania. Rozumienie relacji sekwencja aminokwasowa-struktura-funkcja. Obsługa publicznie dostępnych aplikacji teoretycznego przewidywania struktur białkowych (Swiss-Modeler, pakiet SaliLab). Prawidłowe interpretowanie uzyskanych wyników analizy teoretycznej. Pozyskiwanie pełnej możliwej informacji o parametrach strukturalnych białek, mechanizmach zmienności, relacjach sekwencja-struktura-funkcja-zmienność. Zapoznanie się ze znaczeniem wpływu mutacji na zmiany w strukturze i funkcji białek. Zapoznanie się i umiejętność korzystania z oprogramowania do lokalizacji regionów zmiennych i konserwatywnych w białkach homologicznych (program ConSurf, program Talana). Umiejętność korzystania z oprogramowania do analizy mutacji sprzężonych (program Corm). Umiejętność wyboru właściwej metody do projektowania białka o konkretnych właściwościach i funkcji biologicznej. Umiejętność korzystania z programów do wizualizacji i analizy struktur molekularnych (Rasmol, WebLab Viewer, VMD, DSVisualizer17, DS Studio). Właściwy dobór narzędzi (oprogramowania i baz danych) do skutecznej i prawidłowej realizacji projektów badawczych w zakresie modelowania i projektowania białek. Szczegółowe zapoznanie się z praktycznym przeprowadzeniem procedury projektowania białek o zadanej funkcji.

Wymagania wstępne

Obsługa komputera i internetu. Obsługa ogólnoużytkowych programów przewidzianych w programie przedmiotu "Podstawowe zastosowania komputerów" studiów I stopnia. Zaliczone pozytywnie kursy programu studiów stacjonarnych "Biochemia", "Bioinformatyka", "Budowa białek". Biegła znajomość języka angielskiego (bierna i czynna).

Zakres tematyczny

Przegląd narzędzi i algorytmów do teoretycznego przewidywania struktur białkowych. Teoretyczna analiza porównawcza białek na poziomie sekwencji i struktury przestrzennej. Metody badań podobieństwa sekwencji aminokwasowych. Istotne kryteria analizy porównawczej sekwencji. Biologiczne mechanizmy zmienności mutacyjnej białek. Dopasowywanie sekwencji białkowych przy użyciu kilku niezależnych programów (ClustalX, Multalin, K-align, T-Coffee, GEISHA2, GEISHA3). Teoretyczna charakterystyka białka na podstawie znanej jego sekwencji aminokwasowej (program Predict7). Przewidywanie procentowego udziału struktur drugorzędowych w cząsteczce białkowej. Szczegółowa analiza zmienności mutacyjnej w rodzinach białek homologicznych (Talan, ConSurf). Identyfikacja i charakterystyka obszarów zmiennych i konserwatywnych. Szczegółowa analiza, identyfikacja i charakterystyka mutacji sprzężonych, występujących w grupach białek spokrewnionych (Corm). Graficzna wizualizacja wyników na strukturach przestrzennych białek (Rasmol, Rastop, WebLab Viewer, VMD, DSVisualizer17, DS Studio). Konstruowanie in silico białek o wymaganych parametrach strukturalnych i funkcjonalnych.

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	Symbol e efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
ma wiedzę nt. modelowania zjawisk i procesów oraz rozumienie zasad metodologii nauk przyrodniczych pozwalające na poprawne wykorzystanie tych zasad w badaniach naukowych oraz sporządzaniu dokumentacji eksperckiej	<ul style="list-style-type: none">K_W04	<ul style="list-style-type: none">dyskusjaobserwacja i ocena aktywności na zajęciach	<ul style="list-style-type: none">Wykład

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
wykazuje znajomość warsztatu metodologicznego uprawianej dyscypliny nauki oraz szczegółowych technik stosowanych w uprawianej specjalizacji	• K_W05	• dyskusja • test końcowy	• Wykład
wykazuje zaawansowaną umiejętność stosowania i doskonalenia metod analizy danych	• K_U04	• kolokwium • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład
wykazuje umiejętność aplikacji teorii fizycznych/biologicznych/chemicznych w badaniach przyrodniczych	• K_U05	• obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta • test końcowy	• Wykład
wykazuje aktywność w aplikacji metod matematycznych i statystycznych; abstrakcyjne myślenie	• K_K02	• dyskusja • konspekt	• Wykład
posiada nawyk poszukiwania i wdrażania nowych rozwiązań badawczych/praktycznych w zakresie nauk przyrodniczych	• K_K06	• dyskusja • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład

Warunki zaliczenia

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

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. Higgins, D, Taylor, W. (ed.), Bioinformatics. Sequence, structure and databanks. Practical approach, Oxford University Press, 2000
3. Berg, J.M, Tymoczko, J.L. , Stryer, L., Biochemia, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2005, wydanie III zmienione

Literatura uzupełniająca

1. Fasold, H., Budowa białek, PWN Warszawa, 1977.

Uwagi

Zmodyfikowane przez dr hab. Jacek Leluk, prof. UZ (ostatnia modyfikacja: 24-04-2017 17:01)

Wygenerowano automatycznie z systemu SyllabUZ