

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 2017/2018

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
zna i rozumie podstawowe zjawiska i procesy z zakresu biochemii i biologii molekularnej	K1A_W12	- bieżąca kontrola na zajęciach - dyskusja	Wykład
zna i rozumie podstawowe pojęcia matematyczne niezbędne do opisu zjawisk i procesów przyrodniczych	K1A_W13	- bieżąca kontrola na zajęciach - kolokwium	Wykład
w interpretacji zjawisk i procesów przyrodniczych opiera się na podstawach empirycznych, rozumiejąc w pełni znaczenie metod matematycznych, statystycznych i informatycznych	K1A_W18	- dyskusja - konspekt - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	Wykład

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
w interpretacji zjawisk i procesów przyrodniczych opiera się na podstawach empirycznych, rozumiejąc w pełni znaczenie metod matematycznych, statystycznych i informatycznych	• K1A_W38	• dyskusja • konspekt	• Wykład
ma wiedzę w zakresie podstaw analizy teoretycznej stosowanej w biologii molekularnej	• K1A_W39	• kolokwium • test końcowy	• Wykład
korzysta ze źródeł literaturowych oraz innych źródeł (strony internetowe), potrafi interpretować i łączyć w spójną całość uzyskane informacje biologiczne	• K1A_U01	• bieżąca kontrola na zajęciach	• Wykład
wykorzystuje wiedzę z zakresu metod teoretycznych i empirycznych stosowanych w naukach przyrodniczych	• K1A_U15	• kolokwium • konspekt • test końcowy	• Wykład
potrafi czytać ze zrozumieniem napisane w języku angielskim teksty naukowe, raporty, instrukcje i inne teksty użytkowe	• K1A_U20	• bieżąca kontrola na zajęciach	• Wykład
stosuje podstawowe algorytmy i techniki bioinformatyczne do opisu zjawisk i analizy danych	• K1A_U22	• kolokwium • konspekt • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład
wykazuje umiejętność poprawnego wnioskowania na podstawie danych pochodzących z teoretycznej analizy problemu biologicznego	• K1A_U23	• egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne • konspekt • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład
rozwiązuje zadania z wykorzystaniem metod matematycznych oraz technik bioinformatycznych	• K1A_U24	• kolokwium • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład
potrafi zastosować metody matematyczne do modelowania zjawisk przyrodniczych	• K1A_U27	• dyskusja • kolokwium • konspekt • praca kontrolna	• Wykład
docenia istotność posiadania podstawowej wiedzy przyrodniczej dla zrozumienia wielu innych dziedzin nauk biologicznych, dostrzega, na czym polega rzetelność w prowadzeniu badań	• K1A_K04	• konspekt • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• 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 hab. Jacek Leluk, prof. UZ (ostatnia modyfikacja: 24-04-2017 16:25)