

PW15a - Zastosowanie modelu Markowa w różnych dziedzinach bioinformatyki - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	PW15a - Zastosowanie modelu Markowa w różnych dziedzinach bioinformatyki
Kod przedmiotu	13.9-WB-Biol2P-Biolo.-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	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 z zastosowaniem stochastycznych łańcuchów Markowa w różnych dziedzinach biologii molekularnej ze szczególnym uwzględnieniem teoretycznej analizy w bioinformatyce. ważnym celem jest umiejętność oceny czy zastosowanie moedelu Markowa do opisania danego procesu jest podejściem właściwym i i czy odzwierciedla naturę tego procesu.

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

Charaktrystyka podstawowych założeń modelu Markowa. Znaczenie i wpływ przemian zaszyłych w przeszłości na prawdopodobieństwo kolejnych przemian mutacyjnych. Przykłady procesów markowowskich i niemarkowowskich. Wykorzystanie modeli Markowa do identyfikacji i lokalizacji sekwencji kodujących w genomie, jako przykład właściwego zastosowania tego modelu. Błędne stosowanie modelu Markowa oraz stochastycznych macierzy PAM i BLOSUM w procesach zmienności mutacyjnej na poziomie fenotypowym białek. znaczenie przemian, które miały miejsce w przeszłości na prawdopodobieństwo dalszych przemian mutacyjnych w określonym kierunku. Wpływ historycznych przemian mutacyjnych na spektrum zmienności aminokwasu w dalszych możliwych przemianach. Określenie jaką część kodu genetycznego stanowi zapis o historii dawniejszych przemian i po ilu mutacjach ten zapis zanika. Wykorzystanie niemarkowowskiego modelu do opisu prawdopodoboieństwa przemian mutacyjnych w białkach - i jego skuteczność. Algorytm semihomologii genetycznej.

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
zna i rozumie podstawowe zjawiska i procesy z zakresu biochemii i biologii molekularnej	K1A_W12	- aktywność w trakcie zajęć - kolokwium	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
zna i rozumie podstawowe pojęcia matematyczne niezbędne do opisu zjawisk i procesów przyrodniczych	K1A_W13	- aktywność w trakcie zajęć - 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	K1A_W18	- bieżąca kontrola na zajęciach - kolokwium	Laboratorium

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
ma wiedzę w zakresie najważniejszych problemów z zakresu proteomiki i bioinformatyki	K1A_W38	- dyskusja - kolokwium - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	Laboratorium
ma wiedzę w zakresie podstaw analizy teoretycznej stosowanej w biologii molekularnej	K1A_W39	- bieżąca kontrola na zajęciach - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
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 - egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne - konspekt	Laboratorium
wykorzystuje wiedzę z zakresu metod teoretycznych i empirycznych stosowanych w naukach przyrodniczych	K1A_U15	- dyskusja - kolokwium - test końcowy	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
potrafi czytać ze zrozumieniem napisane w języku angielskim teksty naukowe, raporty, instrukcje i inne teksty użytkowe	K1A_U20	- bieżąca kontrola na zajęciach - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
stosuje podstawowe algorytmy i techniki bioinformatyczne do opisu zjawisk i analizy danych	K1A_U22	- bieżąca kontrola na zajęciach - kolokwium - konspekt	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
wykazuje umiejętność poprawnego wnioskowania na podstawie danych pochodzących z teoretycznej analizy problemu biologicznego	K1A_U23	- bieżąca kontrola na zajęciach - kolokwium - test końcowy	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
rozwiązuje zadania z wykorzystaniem metod matematycznych oraz technik bioinformatycznych	K1A_U24	- kolokwium - test końcowy	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
potrafi zastosować metody matematyczne do modelowania zjawisk przyrodniczych	K1A_U27	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	K1A_K04	- bieżąca kontrola na zajęciach - dyskusja	- 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 hab. Jacek Leluk, prof. UZ (ostatnia modyfikacja: 24-04-2017 15:41)

Wygenerowano automatycznie z systemu SylabUZ