

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 2017/2018

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 osiągnięcia 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	KB2A_U02	- aktywność w trakcie zajęć - dyskusja - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	Laboratorium
zna specjalistyczne narzędzia bioinformatyczne	KB2A_W08	- aktywność w trakcie zajęć - kolokwium - praca kontrolna	- Wykład - Laboratorium
rozumie konieczność pogłębiania wiedzy z biologii w oparciu o literaturę fachową, w tym publikacje angielskojęzyczne	KB2A_K06	- 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	KB2A_U01	- 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	KB2A_U04	- aktywność w trakcie zajęć - kolokwium - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	Laboratorium
tworzy modele biologiczne w oparciu o znajomość zagadnień matematycznych	KB2A_W07	- 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	KB2A_U05	- 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	KB2A_K10	- 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	KB2A_U07	- 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

- 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 ...”.
- Berg, J.M, Tymoczko, J.L. , Stryer, L., Biochemia, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2005, wydanie III zmienione
- Fasold, H., Budowa białek, PWN Warszawa, 1977
- Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, 2011
- Higgs Paul G., Attword Teresa K., Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2008.

Literatura uzupełniająca

Uwagi

