

PW1a - Modelowanie matematyczne - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	PW1a - Modelowanie matematyczne
Kod przedmiotu	13.9-WB-BTP-Mod.mat.-S16
Wydział	Wydział Nauk Biologicznych
Kierunek	Biotechnologia
Profil	ogólnoakademicki
Rodzaj studiów	pierwszego stopnia z tyt. licencjata
Semestr rozpoczęcia	semestr zimowy 2017/2018

Informacje o przedmiocie	
Semestr	2
Liczba punktów ECTS do zdobycia	4
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/Zdalne	15	1	-	-	Zaliczenie na ocenę

Cel przedmiotu

Celem przedmiotu jest zapoznanie się z bioinformatycznymi i matematycznymi metodami obliczeniowymi stosowanymi w teoretycznej analizie procesów biologicznych na poziomie molekularnym. Zapoznanie się z teoretycznymi modelami zjawisk i procesów zachodzących w organizmie na poziomie molekularnym. Weryfikacja skuteczności i przydatności stosowanych powszechnie metod obliczeniowych w biologii molekularnej.

Wymagania wstępne

Obsługa komputera i internetu. Obsługa ogólnoużytkowych programów przewidzianych w programie przedmiotu "Podstawowe zastosowania komputerów". umiejętność korzystania z biologicznych baz danych

Zakres tematyczny

Historyczny przegląd rozwoju metod dopasowywania białkowych sekwencji homologicznych. Poszukiwanie optymalnego dopasowania, wykazującego maksymalny stopień identyczności/podobieństwa porównywanych sekwencji. Metody statystyczne i niestatystyczne dopasowania sekwencji. charakterystyka macierzy stochastycznych PAM i BLOSUM. Opis algorytmu semihomologii genetycznej. Zalety i wady różnych metod dopasowania sekwencji. Problem oszacowania istotności podobieństwa porównywanych sekwencji. Kryteria oszacowania istotności podobieństwa sekwencji. Błędne i właściwe zastosowania modelu Markowa w różnych dziedzinach biologii molekularnej. Obliczeniowe metody identyfikacji i lokalizacji sekwencji kodujących w genomie. Podstawy przyjmowania różnych form struktury II-rzędowej w białkach. Charakterystyka 6 poziomów strukturalnych w białkach. Zastosowanie teoretycznych metod obliczeniowych w projektowaniu białek o żądanej strukturze i funkcji biologicznej. Projektowanie białka o aktywności hormonalnej (glukagonu).

Metody kształcenia

Wykład z prezentacjami multimedialnymi (PowerPoint) oraz korzystaniem z białkowych baz danych online oraz specjalistycznego oprogramowania bioinformatycznego do przewidywania, analizy, modelowania oraz projektowania struktur białkowych.

Efekty uczenia się i metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
interpretuje zjawiska przyrodnicze empirycznie, do ich interpretacji stosuje metody matematyczne i statystyczne (w interpretacji zjawisk i procesów przyrodniczych zna, rozumie oraz opiera się na podstawach empirycznych, rozumiejąc w pełni znaczenie metod matematycznych i statystycznych)	K1A_W02	bieżąca kontrola na zajęciach	- Wykład/Zdalne - Laboratorium
rozumie podstawowe procesy związane z badaniem molekularnym genomów, ma wiedzę z zakresie najważniejszych problemów związanych z poznaniem funkcji genomów różnych organizmów	K1A_W18	- bieżąca kontrola na zajęciach - kolokwium	- Wykład/Zdalne - Laboratorium

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
objaśnia zasady stosowania zróżnicowanych technik z zastosowaniem struktury projektu naukowego, klasyfikacji metod badawczych, metod analizy i syntezy, indukcji i dedukcji, analogii, objaśnia empiryczne metody badawcze, zasady obserwacji naukowej, metody eksperymentalne, systematyzowanie wyników, ich interpretację, wnioskowanie, dowodzenie, definiowanie, czynniki warunkujące wybór metody, eksperymenty diagnostyczne	• K1A_W36	• bieżąca kontrola na zajęciach • konspekt	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
w interpretacji zjawisk i procesów przyrodniczych zna, rozumie oraz opiera się na podstawach empirycznych, rozumiejąc w pełni znaczenie metod matematycznych i statystycznych w pracy badawczej i działaniach praktycznych	• K1A_W41	• bieżąca kontrola na zajęciach • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
zna podstawowe pojęcia z zakresu wykorzystania narzędzi informatycznych	• K1A_W42	• kolokwium • test końcowy	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
ma wiedzę w zakresie statystyki i informatyki na poziomie pozwalającym na opisywanie i interpretowanie zjawisk przyrodniczych rozumie związki między osiągnięciami z zakresu nauk biologicznych a modelowaniem matematycznym	• K1A_W44	• dyskusja • kolokwium • test końcowy	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
rozumie podstawowe zjawiska i procesy opisane w teoretycznych modelach bioinformatycznych oraz ma wiedzę w zakresie podstawowego oprogramowania do analizy teoretycznej procesów biologicznych, ma wiedzę w zakresie najważniejszych problemów z zakresu bioinformatyki i proteomiki	• K1A_W53	• kolokwium • test końcowy	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
rozumie zagadnienie analizy materiału genetycznego, opisuje technologie i techniki wykorzystywane do badania cząsteczek DNA i RNA, dostrzega związek pomiędzy strukturą i organizacją genomu, a możliwością wykorzystania poszczególnych technik	• K1A_W56	• bieżąca kontrola na zajęciach • dyskusja • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
stosuje podstawowe metody statystyczne oraz techniki informatyczne do opisu zjawisk i analizy danych	• K1A_U12	• bieżąca kontrola na zajęciach • test końcowy	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
dokonuje analizy i interpretacji uzyskanych wyników badań. Stosuje metody statystyczne do analizy danych	• K1A_U19	• bieżąca kontrola na zajęciach • kolokwium	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
Potrafi samodzielnie wyszukiwać oraz analizować informacje dostępne w literaturze i w Internecie. Rozumie potrzebę podnoszenia swoich kompetencji zawodowych	• K1A_K12	• bieżąca kontrola na zajęciach • konspekt • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta	• 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. Berg, J.M, Tymoczko, J.L. , Stryer, L., Biochemia, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2005, wydanie III zmienione
3. Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, 2011
4. Higgs Paul G., Attword Teresa K., Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2008.
5. Reginald H. Garret, Charles M. Grisham, Biochemistry (rozdział 6), Thomson Learning Third Edition, 2005

Literatura uzupełniająca

Uwagi

Zmodyfikowane przez dr hab. Jacek Leluk, prof. UZ (ostatnia modyfikacja: 24-04-2017 23:29)

