

PW1b - Metody numeryczne w biotechnologii - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	PW1b - Metody numeryczne w biotechnologii
Kod przedmiotu	13.9-WB-BTP-Met.nr-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 metodami numerycznymi opisującymi procesy biologiczne na poziomie molekularnym. kurs ma na celu zapoznanie się z parametrami numerycznymi opisującymi dane zjawiska oraz ich rozumienie. Opanowanie tej wiedzy pozwoli na prawidłowe modyfikacje numerycznych parametrów w narzędziach bioinformatycznych poprawiające skuteczność metody w danej specyficznej tematyce.

Wymagania wstępne

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

Zakres tematyczny

Analiza numeryczna stanowi istotny dział bioinformatyki. wiele procesów biologicznych na poziomie molekularnym opisywane jest za pomocą parametrów numerycznych, których sens powinien być zrozumiały dla badacza. Metody numeryczne występują praktycznie w każdej dziedzinie bioinformatyki, proteomiki i genomiki. Już podstawowe wstępne metody analizy bioinformatycznej jaką jest teoretyczne porównywanie sekwencji w celu określenia istotności stopnia ich identyczności/podobieństwa oparte są na numerycznym opisie wyników. Numeryczna interpretacja uzyskanych wyniku analizy charakteryzują każdą metodę analizy porównawczej sekwencji białkowych/nukleotydowych, jak np. macierz unitarna, macierz kodu genetycznego, statystyczna analiza mutacyjnych zastąpień aminokwasów w białkach homologicznych, czy algorytm semihomologii genetycznej. Zastosowanie metod numerycznych prowadzi z kolei do umożliwienia skonstruowania sekwencji konsensusowej, definiującej całą rodzinę białek spokrewnionych. Za pomocą parametrów numerycznych opisywane są obserwowane częstości wzajemnych przemian mutacyjnych aminokwasów w pozycjach homologicznych spokrewnionych białek. W ten sposób powstały stochastyczne macierze PAM i BLOSUM, bardzo powszechnie stosowane przy analizie porównawczej sekwencji białkowych w poszukiwaniu białek wspólnego pochodzenia, podobnej struktury i funkcji. Programy wspomagające obsługę biologicznych baz danych także oparte są na metodach numerycznych wykrywania ważnych zjawisk i procesów na poziomie sekwencji, struktury, funkcji i ewolucji. Przykładem jest pakiet programów BLAST służący do przeszukiwania sekwencyjnych baz danych w poszukiwaniu sekwencji o istotnym podobieństwie/identyczności. Wyniki są przedstawiane za pomocą specyficznie opracowanych parametrów liczbowych jak np. stopień identyczności, stopień podobieństwa oraz tzw. wartość spodziewana (expect value). numerycznie przedstawiane są także zjawiska delekcji/insercji w porównywanych spokrewnionych sekwencjach białkowych. Są one obliczane i i analizowane przy pomocy tzw. parametru kar za przerwy (gap penalties). Parametr ten oraz wartość expect value mogą być modyfikowane i zmieniane przez badacza w celu uzyskania bardziej zgodnych wyników dla konkretnego badanego zestawu sekwencji. Dlatego ważne jest rozumienie sensu tych wartości numerycznych, aby ich modyfikacje były właściwe i sensowne.

Również podstawy konstrukcji molekularnych drzew filogenetycznych oparte są na metodach numerycznych. Jednym z najistotniejszych jest parametr dystansu ewolucyjnego (obliczany w różny sposób w różnych metodach konstrukcji), na podstawie którego ustala się topologię całego drzewa, oraz długości odgałęzień.

Metody kształcenia

Wykład z prezentacjami multimedialnymi (PowerPoint), korzystaniem z białkowych baz danych online oraz specjalistycznego oprogramowania bioinformatycznego do analizy porównawczej, konstrukcji drzew filogenetycznych, oszacowania istotności podobieństwa porównywanych sekwencji i in.

Efekty uczenia się i metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się

Opis efektu	Symbolce efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
-------------	------------------	--------------------	-------------

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 • kolokwium	• 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 • dyskusja	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
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 • kolokwium • test końcowy	• 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 • kolokwium	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
zna podstawowe pojęcia z zakresu wykorzystania narzędzi informatycznych	• K1A_W42	• bieżąca kontrola na zajęciach • dyskusja • egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne	• 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	• kolokwium • obserwacje i ocena umiejętności praktycznych studenta • 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
stosuje podstawowe metody statystyczne oraz techniki informatyczne do opisu zjawisk i analizy danych	• K1A_U12	• dyskusja • kolokwium • konspekt	• Wykład/Zdalne • Laboratorium
stosuje podstawowe metody statystyczne oraz techniki informatyczne do opisu zjawisk i analizy danych	• K1A_U19	• 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: 25-04-2017 20:17)

