

Biologiczne bazy danych i programy służące do ich obsługi - przedmiot fakultatywny - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	Biologiczne bazy danych i programy służące do ich obsługi - przedmiot fakultatywny
Kod przedmiotu	12.8-WL-LEK-BBDPSO
Wydział	Wydział Lekarski i Nauk o Zdrowiu
Kierunek	Lekarski
Profil	praktyczny
Rodzaj studiów	jednolite magisterskie sześcioletnie
Semestr rozpoczęcia	semestr zimowy 2016/2017

Informacje o przedmiocie	
Semestr	3
Liczba punktów ECTS do zdobycia	2
Typ przedmiotu	obieralny
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
Ćwiczenia	30	2	30	2	Zaliczenie

Cel przedmiotu

Poznanie podstawowych bioinformatycznych metod badawczych. Zapoznanie się i rozumienie układu strukturalnego budowy biologicznych baz danych. 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. Podstawowe korzystanie z publicznie dostępnych usług bioinformatycznych (BLAST, zasoby białkowe i genomowe). Obsługa wybranych najprostszych i publicznie dostępnych bazowych aplikacji bioinformatycznych. Prawidłowe wzajemne dopasowywanie wielu sekwencji homologicznych. Opanowanie wszystkich obecnie stosowanych metod identyfikacji sekwencji kodujących w genomie. 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".

Zakres tematyczny

Historyczny przegląd baz danych i metod teoretycznej analizy porównawczej sekwencji białkowych. Historia powstania i rozwoju biologicznych baz danych. Ogólna charakterystyka struktury i organizacji najpopularniejszych baz. Bazy sekwencji białkowych (UniProt KB, TrEMBL, nr), bazy struktur białkowych (PDB) Przegląd podstawowych narzędzi i algorytmów do analizy porównawczej sekwencji biologicznych. Pakiet programów BLAST - ich konstrukcja i sposób korzystania. Metody analizy porównawczej. Główne metody badań podobieństwa sekwencji biologicznych. Istotne kryteria analizy porównawczej sekwencji. Wyczerpujący przegląd współczesnych metod identyfikacji sekwencji kodujących w genomie. Dopasowywanie sekwencji białkowych przy użyciu programu ClustalX oraz innych powszechnie stosowanych programów. Teoretyczna charakterystyka białka na podstawie znanej jego sekwencji aminokwasowej z wykorzystaniem zasobów baz danych.

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
zna funkcje genomu oraz metody stosowane w jego badaniu; opisuje procesy rekombinacji DNA, transkrypcji i translacji;	B.W14	Testy sprawdzające, zaliczenie	Ćwiczenia
zna podstawowe metody informatyczne i biostatystyczne wykorzystywane w medycynie, w tym medyczne bazy danych, arkusze kalkulacyjne i podstawy grafiki komputerowej	B.W31	Test umiejętności praktycznych	Ćwiczenia
korzysta z baz danych, w tym internetowych, i wyszukuje potrzebną informację za pomocą dostępnych narzędzi	B.U11	Test umiejętności praktycznych	Ćwiczenia

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
planuje i wykonuje proste badanie naukowe oraz interpretuje jego wyniki i wyciąga wnioski	• B.U14	• Test umiejętności praktycznych	• Ćwiczenia

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

1. *Czasopisma dostępne w Bibliotece Uniwersyteckiej UZ, cyfrowe bazy danych – nauki medyczne i nauki o zdrowiu*; <http://www.bu.uz.zgora.pl/>

Uwagi

Zmodyfikowane przez mgr Beata Wojciechowska (ostatnia modyfikacja: 05-07-2017 12:09)

Wygenerowano automatycznie z systemu SylabUZ