

Sylabus przedmiotu

Przedmiot:	Bioinformatyka
Kierunek:	Biologia, II stopień [4 sem], stacjonarny, ogólnoakademicki, rozpoczęty w: 2013
Specjalność:	mikrobiologia
Rok/Semestr:	II/4
Liczba godzin:	10,0
Nauczyciel:	Grela Przemysław, dr
Forma zajęć:	laboratorium
Rodzaj zaliczenia:	zaliczenie na ocenę
Punkty ECTS:	1,0
Godzinowe ekwiwalenty punktów ECTS (łącznie liczba godzin w semestrze):	0 Godziny kontaktowe z prowadzącym zajęcia realizowane w formie konsultacji 10,0 Godziny kontaktowe z prowadzącym zajęcia realizowane w formie zajęć dydaktycznych 0 Przygotowanie się studenta do zajęć dydaktycznych 0 Przygotowanie się studenta do zaliczeń i/lub egzaminów 0 Studiowanie przez studenta literatury przedmiotu
Wstępne wymagania:	zaliczone kursy Inżynierii genetycznej i Biologii molekularnej
Metody dydaktyczne:	<ul style="list-style-type: none"> • ćwiczenia laboratoryjne • klasyczna metoda problemowa • z użyciem komputera
Zakres tematów:	Analiza sekwencji DNA: wyszukiwanie motywów funkcjonalnych w DNA, ORF-ów, tworzenie kontigów sekwencji. Metody analizy podobieństwa sekwencji DNA i białek (programy: Clustal, GeneDoc). Analiza dopasowanie wielu sekwencji aminokwasowych; tworzenie złożonych wielodomenowych danych wejściowych oraz wyznaczenie poprawnego dopasowania; posługiwanie się programem Clustal; zasady analizy filogenetycznej (algorytm średnich połączeń UPGMA, metoda najbliższego sąsiedztwa, metoda bootstrap). Konstrukcja drzew filogenetycznych, ich topologia oraz kryteria oceny. Analiza sekwencji białek: bazy danych PROSITE, Pfam, PDB. Molekularne modelowanie 3D białek, interpretacja struktury 3D białek z wykorzystaniem programów PyMol, VMD; metody wizualizacji i obrazowania interakcji molekularnych w cząteczkach białek (ligand/ białko, białko/białko).
Forma oceniania:	<ul style="list-style-type: none"> • ocena ciągła (bieżące przygotowanie do zajęć i aktywność) • realizacja projektu
Literatura:	Baxevanis, A.D., Ouellette, B.F.F. Bioinformatyka: podręcznik do analizy genów i białek. PWN 2005 Higgs P.G., Attwood T.K. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN 2008
Dodatkowe informacje:	Celem kursu jest zapoznanie studenta z podstawowymi algorytmami i metodami analiz sekwencji DNA i białek, terminologią służącą do opisu uzyskiwanych wyników oraz sposobami ich interpretacji.
Modułowe efekty kształcenia:	01 Charakteryzuje właściwości cząsteczek DNA i białek w oparciu o komputerowo przetworzone informacje 02 Dobiera podstawowe algorytmy i samodzielnie przeprowadza proste analizy sekwencji DNA i białek 02 Wskazuje i charakteryzuje osiągnięcia bioinformatyki, które pozwalają na rozwój medycyny oraz biotechnologii 04 Weryfikuje wyniki, interpretuje je i wyciąga wnioski z przeprowadzanych in silico analiz 05 Jest krytyczny w interpretacji uzyskiwanych wyników i ma świadomość ich charakteru jako pomocniczego narzędzia w przewidywaniu funkcji genów i białek. 06 Żywi przekonanie o konieczności rozwijania i tworzenia bardziej zaawansowanych narzędzi i algorytmów do analiz bioinformatycznych, wobec szybkiego postępu biologii molekularnej