

KARTA KURSU

Nazwa	Bioinformatyka strukturalna
Nazwa w j. ang.	Structural bioinformatics

Koordynator	Dr Grzegorz Migdałek	Zespół dydaktyczny
Punktacja ECTS*	3	

Opis kursu (cele kształcenia)

Kurs ma na celu zapoznanie studentów z zagadnieniami modelowania struktur białkowych, dopasowań strukturalnych oraz predykcji struktur na podstawie sekwencji aminokwasów. Umożliwi on zapoznanie studentów z architekturą najpopularniejszych narzędzi stosowanych w bioinformatyce strukturalnej. Nacisk położony jest na wady i zalety stosowanych rozwiązań, ich ograniczenia, wykorzystywane technologie, jakość otrzymywanych rozwiązań, ich wiarygodność oraz sposoby weryfikacji wyników.

Warunki wstępne

Wiedza	Student powinien posiadać podstawową wiedzę z zakresu biochemii, genetyki i bioinformatyki
Umiejętności	Obsługa systemu operacyjnego Linux, obsługa środowisk programistycznych (w szczególności R)
Kursy	Wprowadzenie do bioinformatyki, Biochemia, Podstawy genetyki, Bioinformatyka sekwencji biologicznych

Efekty uczenia się

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Wiedza	W01, ma wiedzę na temat dostępnych zasobów oraz rodzajów danych biologicznych	K_W01, K_W11
	W02, posiada wiedzę na temat strategii składowania i zarządzania danymi strukturalnymi oraz przeszukiwania biologicznych baz danych.	K_W11, K_W14, K_W17
	W03, zna podstawy działania algorytmów obliczeniowych wykorzystywanych do porównywania struktur i ich przewidywania na podstawie sekwencji	K_W09, K_W14, K_W17

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Umiejętności	U01, analizuje i efektywnie pozyskuje informacje zawarte w rekordach danych biologicznych.	K_U01, K_U02
	U02, prawidłowo i wydajnie wykorzystuje narzędzia bioinformatyczne do porównywania struktur białkowych.	K_U05, K_U06, K_U09
	U03, wykorzystuje techniki predykcji struktur białkowych oraz interpretuje otrzymane wyniki.	K_U02, K_U06

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Kompetencje społeczne	K01. Rozumie konieczność uzupełniania wiedzy w oparciu o aktualne dane	K_K01
	K02. W interpretacji zjawisk korzysta z podstaw empirycznych oraz metod statystycznych i narzędzi informatycznych	K_K03

Organizacja										
Forma zajęć	Wykład (W)	Ćwiczenia w grupach								
		A		K		L		S		P

Liczba godzin	10			30			

Opis metod prowadzenia zajęć

Podczas wykładów omawiane są realizowane treści, przedstawiane są schematy, zdjęcia, rysunki oraz prezentacje multimedialne.

Podczas ćwiczeń studenci zapoznają się w praktyce z metodami wizualizacji i analizy struktur białkowych oraz algorytmami dopasowywania struktur z użyciem specjalistycznego oprogramowania i samodzielnie tworzonych skryptów.

Zajęcia odbywają się z wykorzystaniem kompetencji nabytych podczas indywidualnego szkolenia pt: „Programowanie w języku Python dla biologów” zrealizowanego w ramach projektu „Uczelnia najwyższej jakości – UP to the TOP, zad. 5 Szkolenia podnoszące kompetencje dydaktyczne kadry dydaktycznej - Indywidualne kursy z zakresu nowoczesnych metod dydaktycznych w ramach Pilotażowego Programu Szkoleń Indywidualnych (PPSI).

Formy sprawdzania efektów uczenia się

	E – learning	Gry dydaktyczne	Ćwiczenia w szkole	Zajęcia terenowe	Praca laboratoryjna	Projekt indywidualny	Projekt grupowy	Udział w dyskusji	Referat	Praca pisemna (esej)	Egzamin ustny	Egzamin pisemny	Inne
W01						X					X		
W02						X					X		
W03						X					X		
U01					X	X							
U02					X	X							
U03					X	X							
K01					X	X							
K02					X	X							
K03					X	X							

Kryteria oceny	Warunkiem pozytywnego zaliczenia kursu jest zaliczenie ćwiczeń (końcowy projekt indywidualny) oraz pozytywna ocena z egzaminu pisemnego (50% +1 punktów)
----------------	--

Uwagi	Kurs prowadzony w języku polskim
-------	----------------------------------

Treści merytoryczne (wykaz tematów)

1. Podstawowe cele bioinformatyki strukturalnej, główne obszary badań i wyzwania
2. Struktura i budowa białek, podstawowe techniki wizualizacji.
3. Bazy danych struktur białkowych (PDB, SCOP 2, CATH) i narzędzia do wizualizacji. Charakterystyka formatu PDB.
4. Metody wykrywania białek i eksperymentalnego ustalania struktury (degradacja Edmana, elektroforeza białek, krystalografia rentgenowska, spektrometria masowa)
5. Perspektywy i poziomy analizy białek (analiza domen i motywów, fizyczne właściwości białek, lokalizacja i funkcja)
6. Dopasowania strukturalne, metody i istotność dopasowania (sekwencyjne dopasowania, macierze dystansu, superpozycja sztywna i elastyczna)
7. Przewidywanie struktury białek (modelowanie homologii, rozpoznawanie fałdowań, przewidywanie *ab initio*)
8. Metody uczenia maszynowego w przewidywaniu struktury drugorzędowej białek.

Wykaz literatury podstawowej

J. Gu, P.E. Bourne, "Structural Bioinformatics"
P. Baldi, S. Brunak, "Bioinformatics: The Machine Learning Approach"

Wykaz literatury uzupełniającej

Najnowsze publikacje naukowe z dziedziny bioinformatyki strukturalnej

Bilans godzinowy zgodny z CNPS (Całkowity Nakład Pracy Studenta)

liczba godzin w kontakcie z prowadzącymi	Wykład	10
	Konwersatorium (ćwiczenia, laboratorium itd.)	30
	Pozostałe godziny kontaktu studenta z prowadzącym	5
liczba godzin pracy studenta bez kontaktu z prowadzącymi	Lektura w ramach przygotowania do zajęć	5
	Przygotowanie krótkiej pracy pisemnej lub referatu po zapoznaniu się z niezbędną literaturą przedmiotu	0
	Przygotowanie projektu lub prezentacji na podany temat (praca w grupie)	5
	Przygotowanie do egzaminu/zaliczenia	5
Ogółem bilans czasu pracy		60

Liczba punktów ECTS w zależności od przyjętego przelicznika

3
