

Opis zajęć (sylabus)

Nazwa zajęć:	Komputerowe analizy filogenetyczne i strukturalne	ECTS	2
Nazwa zajęć w j. angielskim:	Computational phylogeny and structural predictions		
Zajęcia dla kierunku studiów:	Biotechnologia		

Język wykładowy: polski	Poziom studiów: II		
Forma studiów: <input checked="" type="checkbox"/> stacjonarne <input type="checkbox"/> niestacjonarne	Status zajęć: <input type="checkbox"/> podstawowe <input checked="" type="checkbox"/> obowiązkowe <input checked="" type="checkbox"/> kierunkowe <input type="checkbox"/> do wyboru	Numer semestru: I	<input type="checkbox"/> semestr zimowy <input checked="" type="checkbox"/> semestr letni
Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik):	2022/2023	Numer katalogowy:	BBT_BT-2S-1L-4

Koordynator zajęć:	Dr Marek D. Koter			
Prowadzący zajęcia:	Pracownicy i doktoranci Kat. Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin			
Założenia, cele i opis zajęć:	<p>Przedmiot omawia bardziej zaawansowane aspekty analiz bioinformatycznych wykonywanych na sekwencjach kwasów nukleinowych i białek. Przedmiot przedstawia narzędzia do analiz architektury całych genomów lub pojedynczych genów od wykrywania genów w obrębie nieznanej sekwencji po dokładniejszą analizę rejonów promotorowych. W czasie kursu uczestnicy zapoznają się z najpopularniejszymi metodami oceny ewolucyjnego pokrewieństwa organizmów w oparciu o powszechnie obecnie wykonywane analizy fragmentów DNA. Prezentowane są również metody analizy struktury drugo i trzeciorzędowej białek. Wymienione rodzaje analiz bioinformatycznych stały się standardem opisu nowo charakteryzowanych sekwencji. Przedmiot ma charakter praktyczny i każdy student powinien samodzielnie wykonywać zaplanowane analizy</p> <p>Tematyka ćwiczeń: Przypomnienie podstawowych narzędzi bioinformatyki. Analiza architektury genomu. Molekularne podstawy ewolucji. Hierarchiczne porównywanie wielu sekwencji. Topologia i interpretacja drzewa filogenetycznego. Ocena wiarygodności molekularnych analiz filogenetycznych. Korzystanie z baz danych struktur makromolekularnych. Analiza struktury 2- rzędowej białek. Przewidywanie rejonów transmembranowych. Analiza rozkładu ładunków w strukturach 2-rzędowych. Symulacje struktur 3-rzędowych. Analiza wyników wielkoskalowych eksperymentów transkryptomowych: z wykorzystaniem programu Excel, i dedykowanych narzędzi udostępnianych przez instytuty bioinformatyczne. Bazy danych eksperymentów mikromacierzowych i innych analiz opisujących ekspresję genów – GeneVestigator i eFP Browser</p>			
Formy dydaktyczne, liczba godzin:	a) ćwiczenia laboratoryjne; liczba godzin ..30.....;			
Metody dydaktyczne:	Ćwiczenia odbywają się w pracowni komputerowej, gdzie każdy student musi samodzielnie wykonać zaplanowane zadania. Możliwość wykorzystywania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych (czytaj np. pandemia)			
Wymagania formalne i założenia wstępne:	Wymagania formalne: Podstawy bioinformatyki, biologia molekularna, założenia wstępne: Uczestniczący studenci powinni mieć podstawowe przygotowanie z zakresu bioinformatyki, takie jak umiejętność korzystania z podstawowych baz danych DNA i białek, oraz prostego wyszukiwania podobieństwa z wykorzystaniem algorytmu BLAST.			
Efekty uczenia się:	treść efektu przypisanego do zajęć:	Odniesienie do efektu. kierunkowego	Siła dla ef. kier*	
Wiedza: (absolwent zna i rozumie)	W1	W1 Zna i potrafi wykorzystać podstawowe oraz zaawansowane narzędzia bioinformatyczne W2 Wie na czym polega data mining i korzystanie z baz danych wyników eksperymentów mikromacierzowych W3 Potrafi wykonać symulację struktur 2-go i 3-cio rzędowych białek, identyfikację helis amfipatycznych i rozumie ich zależność z funkcją białek W4 Zna metody predykcji genu oraz identyfikacji elementów regulatorowych promotora i potrafi je zastosować	K_W03 K_W04 K_W09 K_W11	3 2 1 2
Umiejętności: (absolwent potrafi)	U1	U1 Posiada umiejętność pracy z genomowymi zestawami danych biologicznych w arkuszu Excel U2 Posiada umiejętność przewidywania lokalizacji subkomórkowej na podstawie sekwencji białek	K_U01 K_U02 K_U20	3 2 2

		U3 Potrafi dokonać wyboru sekwencji, wykonać drzewo filogenetyczne i je interpretować U4 Potrafi zidentyfikować i opisać ważne grupy aminokwasowe w strukturach białkowych z baz danych. Obserwacja struktury białka w programie VNT Viewer		
Kompetencje: (absolwent jest gotów do)	K1			
Treści programowe zapewniające uzyskanie efektów uczenia się:	Zaawansowane aspekty analiz bioinformatycznych wykonywanych na sekwencjach kwasów nukleinowych i białek. Przedmiot przedstawia narzędzia do analiz architektury całych genomów lub pojedynczych genów od wykrywania genów w obrębie nieznanej sekwencji po dokładniejszą analizę rejonów promotorowych.			
Sposób weryfikacji efektów uczenia się:	Zaliczenie. Krótki test z teorii dopuszczający do części praktycznej (10% końcowej oceny), zaliczenie praktyczne, podczas którego każdy samodzielnie wykonuje kilka zadań. Możliwości wykorzystywania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych (czytaj np. pandemia)			
Szczegóły dotyczące sposobów weryfikacji i form dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się:	Imienna lista egzaminacyjna, ocenione testy zaliczeniowe. Możliwości wykorzystywania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych (czytaj np. pandemia)			
Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową:	Test pisemny 10%, praktyczne wykonanie zadań i omówienie wyników 90%			
Miejsce realizacji zajęć:	Pracownia komputerowa (Internet, przeglądarka, program VNTI)			
<p>1. Materiały pomocnicze opracowane przez prowadzących dostępne na stronach: http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/bioinformatyka.htm http://grzegorz_bartoszewski.users.sggw.pl/; Adresy wykorzystywanych aplikacji i dokumentacja na ich temat dostępne poprzez stronę: http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/filipecki_links.htm;</p> <p>2. Biotechnologia roślin 2009, wydanie nowe, pod red. S. Malepszego, Wydawnictwo Naukowe PWN;</p> <p>3. Baxevanis AD, Ouellette BFF (red.) „Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek.” (2004) PWN;</p> <p>4. Jin X. „Podstawy bioinformatyki”(2011) Wydawnictwo UW;</p> <p>5. H.G. Barry „Łatwe drzewa filogenetyczne” (2008) Wydawnictwo UW</p>				
<p>UWAGI</p> <p>Do wyliczenia oceny końcowej stosowana jest skala: 100-91% pkt - 5,0; 90-81% pkt - 4,5; 80-71% pkt - 4,0; 70-61% pkt - 3,5; 60-51% pkt - 3,0</p>				

*) 3 – zaawansowany i szczegółowy, 2 – znaczący, 1 – podstawowy.

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot:

Szacunkowa sumaryczna liczba godzin pracy studenta (kontaktowych i pracy własnej) niezbędna dla osiągnięcia zakładanych dla zajęć efektów uczenia się - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS:	32
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia:	1,2

