

--	--	--

1. Nazwa przedmiotu: Modelowanie biomolekuł		2. Kod przedmiotu: MBM		
3. Karta przedmiotu ważna od roku akademickiego: 2017/2018				
4. Forma kształcenia: studia doktoranckie				
5. Forma studiów: studia stacjonarne/niestacjonarne				
6. Kierunek studiów: INFORMATYKA				
7. Profil studiów: akademicki				
8. Specjalność:				
9. Semestr:				
10. Jednostka prowadząca przedmiot: Instytut Informatyki, Wydział AEiI				
11. Prowadzący przedmiot: dr hab. inż. Dariusz Mrozek, dr inż. Aleksandra Gruca				
12. Przynależność do grupy przedmiotów: przedmioty fakultatywne				
13. Status przedmiotu:				
14. Język prowadzenia zajęć: polski/angielski				
15. Przedmioty wprowadzające oraz wymagania wstępne: Znajomość podstawowych zagadnień oraz terminologii z zakresu metod modelowania 3D				
16. Cel przedmiotu: Celem przedmiotu jest zaznajomienie studentów z zagadnieniami związanymi z zastosowaniami metod matematycznych, informatycznych i statystycznych dla różnorodnych zagadnień związanych opracowywaniem wyników eksperymentów dotyczących badania biomolekuł, przedstawianiem struktur i funkcji, strukturą i sposobami zapisu informacji związanych z biomolekułami.				
17. Efekty kształcenia: ¹				
Nr	Opis efektu kształcenia	Metoda sprawdzenia efektu kształcenia	Forma prowadzenia zajęć	Odniesienie do efektów dla kierunku studiów
W1	Ma wiedzę dotyczącą biomolekuł i jej zastosowań		WT, WM	RAU_I_W01
W2	Posiada orientację w metodach obrazowania biomolekuł		WT, WM	RAU_I_W04
W3	Zna techniki analizy struktur i funkcji biomolekuł		WT, WM	RAU_I_W06
U1	Potrafi samodzielnie konstruować algorytmy przetwarzania danych pomiarowych dotyczących biomolekuł		WT, WM	RAU_I_U01
U2	Posiada umiejętność analizy informacji z różnych źródeł dotyczących biomolekuł		WT, WM	RAU_I_U03
U3	Posiada umiejętność analizy funkcji oraz miejsc aktywnych biomolekuł		WT, WM	RAU_I_U04
U4	Rozumie strukturę modeli matematycznych stosowanych w opisie molekuł DNA, RNA i białek		WT, WM	RAU_I_U05
K1	Potrafi pracować i komunikować się w zespole		WT, WM	RAU_I_K01
K2	Rozumie potrzebę aktualizacji wiedzy dotyczącej metod i narzędzi w modelowaniu biomolekuł		WT, WM	RAU_I_K02
18. Formy zajęć dydaktycznych i ich wymiar (liczba godzin)				
W. : 10 L.: 0				
Treść wykładów:				
Modelowanie biomolekuł w genomice. Struktura DNA. Model Watsona Cricka. Mechanizmy replikacji i				

¹ należy wskazać ok. 5 – 8 efektów kształcenia

transkrypcji. Sekwencjonowanie genomu. Kojarzenie sekwencji. Annotacja sekwencji DNA. Genomowe bazy danych. Metodologia prezentacji struktur DNA.

Modelowanie biomolekuł w proteomice. Struktura i funkcje białek. Metody separacji, detekcji i identyfikacji białek. Profile ekspresji białek. Struktura drugo i trzeciorzędowa białek. Proteomowe bazy danych. Modelowanie i przewidywanie struktur drugo i trzeciorzędowych peptydów i białek.

Modelowanie polimerów RNA. Struktura pierwszo i drugorzędowa kwasu RNA. Funkcje RNA. Bazy danych RNA. Prezentacja modelowanie i przewidywanie struktur drugo i trzeciorzędowych RNA.

Modele matematyczne biomolekuł. Pojęcie modelu matematycznego. Modele statyczne i dynamiczne. Parametry modeli. Zadania estymacji i identyfikacji parametrów modeli. Maksymalizacja wiarygodności. Algorytm EM i jego zastosowania. Łańcuchy Markowa. Ukryte Łańcuchy Markowa i algorytm Vitterbiego. Algorytm Bauma Welscha. Metody MCMC, algorytm Metropolis - Hastingsa. Programowanie dynamiczne. Sieci Boolowskie, sieci Bayesowskie, stochastyczne sieci Boolowskie.

Metody bioinformatyczne badania biomolekuł. Odtwarzanie drzew filogenetycznych. Klasyczne metody oceny topologii i metryki drzew. Algorytm Felsensteina - Churchila. Teoria koalescencji. Sieci genowe i ścieżki sygnałowe. Kinetyka reakcji biochemicznych. Reakcje katalizowane przez enzymy, reakcje ligand – receptor. Cykle metaboliczne. Modelowanie sieci genowych i ścieżek sygnałowych. Ontologie. Sieć Gene Ontology. Wykorzystanie wiedzy o aspektach funkcjonalnych genów w interpretacji wyników eksperymentów.

Bazy danych i serwisy internetowe związane z biomolekułami. Bazy danych sekwencji nukleotydowych. Bazy danych sekwencji białkowych. Bazy danych struktur białek. Wizualizacja struktur białkowych. Anotacje genów i białek.

20. Egzamin: nie

Zaliczenie na podstawie dyskusji w trakcie wykładów oraz opcjonalnie na podstawie przedłożonego przez studenta opracowania pisemnego wybranego zagadnienia.

21. Literatura podstawowa:

1. Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, 2008.

22. Literatura uzupełniająca:

David B. Hames, Nigel M. Hooper, Biochemia. Krótkie wykłady, PWN, 2007

23. Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia efektów kształcenia

Lp.	Forma zajęć	Liczba godzin kontaktowych / pracy studenta
1	Wykład	10/5
2	Ćwiczenia	0/0
3	Laboratorium	0/0
4	Projekt	0/0
5	Seminarium	0/0
6	Inne	5/5
	Suma godzin	15/10

24. Suma wszystkich godzin: 25

25. Liczba punktów ECTS: 1

26. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego: 1

27. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach o charakterze praktycznym (laboratoria, projekty): 0

26. Uwagi: Efekty kształcenia w zakresie wiedzy weryfikowane są na bieżąco w trakcie wykładów, natomiast umiejętności podlegają weryfikacji poprzez formułowanie i rozwiązywanie zadań praktycznych. Efekty kształcenia w zakresie kompetencji społecznych sprawdzane są w trakcie pracy zespołowej nad przykładowymi problemami badawczymi oraz przy opracowywaniu i prezentacji raportów końcowych.

Zatwierdzono:

.....
(data i podpis kierownika studiów doktoranckich)