|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć:  | **Komputerowe analizy filogenetyczne i strukturalne** | **ECTS** | **1,0** |
| Nazwa zajęć w j. angielskim: | Computational phylogeny and structural predictions |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | Biotechnologia |
|  |  |
| Język wykładowy: | polski | Poziom studiów: | II |
| Forma studiów:  | [x]  stacjonarne[ ]  niestacjonarne | Status zajęć: | [ ]  podstawowe[x]  kierunkowe | [x]  obowiązkowe [ ]  do wyboru | Numer semestru: …I…….. | [ ]  semestr zimowy[x]  semestr letni  |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik): | 2020/2021 | Numer katalogowy: | **OGR\_BT-2S-1L-05** |
|  |
| Koordynator zajęć: | Dr Marek D. Koter |
| Prowadzący zajęcia: | Pracownicy i doktoranci Kat. Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin |
| Jednostka realizująca: | Instytut Biologii; Kat. Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin |
| Jednostka zlecająca: | Wydz. Ogrodnictwa i Biotechnologii  |
| Założenia, cele i opis zajęć: | 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 analizyTematyka 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 |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | 1. ćwiczenia laboratoryjne ………………………………………………………………………………; liczba godzin ..15.....;
 |
| Metody dydaktyczne: | Ćwiczenia odbywają się w pracowni komputerowej, gdzie każdy student musi samodzielnie wykonać zaplanowane zadania. **Możliwości 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: | Wiedza:W1 Zna i potrafi wykorzystać podstawowe oraz zaawansowane narzędzia bioinformatyczne W2 Wie na czym polega data mining i korzystanie z baz danych wyników eksperymentów mikromacierzowychW3 Potrafi wykonać symulację struktur 2-go i 3-cio rzędowych białek, identyfikację helis amfipatycznych i rozumie ich zależność z funkcją białekW4 Zna metody predykcji genu oraz identyfikacji elementów regulatorowych promotora i potrafi je zastosować | Umiejętności:U1 Posiada umiejętność pracy z genomowymi zestawami danych biologicznych w arkuszu ExcelU2 Posiada umiejętność przewidywania lokalizacji subkomórkowej na podstawie sekwencji białek U3 Potrafi dokonać wyboru sekwencji, wykonać drzewo filogenetyczne i je interpretowaćU4 Potrafi zidentyfikować i opisać ważne grupy aminokwasowe w strukturach białkowych z baz danych. Obserwacja struktury białka w programie VNT Viewer | Kompetencje:……………………..…………………….. |
| 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)**  |
| Forma 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 wpływna ocenę końcową: | Test pisemny 10%, praktyczne wykonanie zadań i omówienie wyników 90% |
| Miejsce realizacji zajęć: | Pracownia komputerowa (Internet, przeglądarka, program VNTI) |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca: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>**;** **2.** Biotechnologia roślin 2009, wydanie nowe, pod red. S. Malepszego, Wydawnictwo Naukowe PWN; 3. Baxevanis AD, Ouellette BFF (red.) „Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek.” (2004) PWN; 4. Jin X. „Podstawy bioinformatyki”(2011) Wydawnictwo UW; 5. H.G. Barry „Łatwe drzewa filogenetyczne” (2008) Wydawnictwo UW |
| UWAGIDo 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 |

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 h** |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | **1,0 ECTS** |

Tabela zgodności kierunkowych efektów uczenia się z efektami przedmiotu:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| kategoria efektu | Efekty uczenia się dla zajęć: | Odniesienie do efektów dla programu studiów dla kierunku | Oddziaływanie zajęć na efekt kierunkowy\*) |
| Wiedza -  | 1. Zna i potrafi wykorzystać podstawowe oraz zaawansowane narzędzia bioinformatyczne
2. Wie na czym polega data mining i korzystanie z baz danych wyników eksperymentów mikromacierzowych
3. Potrafi wykonać symulację struktur 2-go i 3-cio rzędowych białek, identyfikację helis amfipatycznych i rozumie ich zależność z funkcją białek
4. Zna metody predykcji genu oraz identyfikacji elementów regulatorowych promotora i potrafi je zastosować
 | K\_W03K\_W04 K\_W09K\_W11 | 3212 |
| Umiejętności -  | 1. Posiada umiejętność pracy z genomowymi zestawami danych biologicznych w arkuszu Excel
2. Posiada umiejętność przewidywania lokalizacji subkomórkowej na podstawie sekwencji białek
3. Potrafi dokonać wyboru sekwencji, wykonać drzewo filogenetyczne i je interpretować
4. Potrafi zidentyfikować i opisać ważne grupy aminokwasowe w strukturach białkowych z baz danych. Obserwacja struktury białka w programie VNT Viewer
 | K\_U01K\_U02K\_U20 | 322 |
| Kompetencje -  |  |  |  |

\*)

3 – zaawansowany i szczegółowy,

2 – znaczący,

1 – podstawowy,