

Dalyko sando aprašas

| | |
|--|---|
| Dalyko sando kodas (<i>Course unit code</i>) | BINF2214 |
| Dalyko sando pavadinimas (<i>Course unit title</i>) | Bioinformatika II |
| Dėstytojo (-jų) pedagoginis vardas, mokslo laipsnis, vardas ir pavardė (<i>Name and title of lecturer</i>) | Lekt. Irus Grinis Dr. Mindaugas Margelevičius |
| Katedra, centras | Matematinės informatikos katedra, Biotechnologijos institutas |
| Fakultetas, padalinys | Matematikos ir informatikos |
| Dalyko sando lygis (<i>Level of course</i>) | <i>pirmosios pakopos (first cycle)</i> |
| Semestras (<i>Semester</i>) | <i>rudens (5)</i> |
| ECTS kreditai (<i>ECTS credits</i>) | 4,5 |
| VU kreditai (<i>VU credits</i>) | 3 |
| Auditorinės valandos | viso dalyko 64 <i>paskaitų 32</i> <i>seminarų</i> <i>pratybų</i> <i>laboratorinių darbų, 32</i> <i>konsultacijų</i> |
| Reikalavimai (<i>Prerequisites</i>) | Informatika, bendroji biologija, bioinformatika I |
| Dėstomoji kalba (<i>Language of instruction</i>) | <i>lietuvių</i> |
| Dalyko sando tikslas (<i>Objective of the course</i>) | Apibrėžti bioinformatikos mokslą, jos apimtį ir tikslus; supažindinti su pagrindinėmis biomolekulių sekų ir struktūrų duomenų bazėmis, jų paskirtimi; padėti įsisavinti pagrindinius biomolekulių evoliucinių panašumų paieškos metodų veikimo principus; atskleisti sekų-struktūrų santykį ir jos įtaką struktūrinei bioinformatikai. Kurso kompiuterinės grafikos ir vizualizacijos sudedamoji dalis turi tikslą supažindinti su rastrinės ir vektorinės grafikos elementais, vizualizacijos metodais, taikomais biologijoje ir medicinoje. |
| Numatomi išugdyti gebėjimai (<i>learning outcomes</i>) | Pagrindinių nukleino rūgščių, baltymų ir jų klasifikacijos duomenų bazių ir jų formato žinojimas; pagrindinių baltymų klasifikacijos principų ir kriterijų supratimas; žinojimas bei mokėjimas taikyti pagrindinius |

| | |
|---|---|
| | <p>biomolekulinių sekų panašumų paieškos metodus; mokėjimas interpretuoti paieškos rezultatus ir išskirti statistiškai reikšmingą jų poaibį; baltymų architektūros atpažinimo uždavinio tikslų ir kai kurių jo sprendimų supratimas ir mokėjimas naudotis keliais žinomais metodais; filogenetinės analizės uždavinio supratimas ir mokėjimas nustatyti evoliucinius ryšius tarp sekų; kelių esminių baltymų struktūrų modeliavimo kryptių žinojimas.</p> <p>Žinoti rastrinės ir vektorinės grafikos skirtumus, mokėti taikyti pagrindinius vaizdų apdorojimų principus profesinėje praktikoje</p> |
| Dalyko sando turinys <i>(Course unit content)</i> | <p>Apibrėžiami bioinformatikos sąvoka ir tikslai. Supažindinama su baltymų ir nukleino rūgščių duomenų bazėmis ir duomenų formatais, pabrėžiama baltymų struktūrų evoliucija bei baltymų klasifikacijos schemas, modeliai ir metodai. Paaiškinami pagrindiniai homologinės paieškos algoritmai ir jų taikymai polipeptidinių grandinių sekoms ir nukleino rūgščių sekoms. Supažindinama su biomolekulinių sekų išlygiavimų statistinio reikšmingumo skaičiavimais. Akcentuojami panašumai ir skirtumai sekų ir erdviųjų baltymų struktūrų palyginimuose, paaiškinami keli baltymų palyginimo metodai ir algoritmai. Taip pat supažindinama su evoliuciškai stabilių rajonų sekose ir struktūrose išskyrimo metodais, domenų baltymuose nustatymo metodais. Pateikiami baltymų architektūros atpažinimo ir funkcijos nusakymo principai bei kai kurios jų detalės. Nurodomi baltymų modeliavimo kryptys ir esminiai modeliavimo aspektai.</p> <p>Kompiuterinės grafikos paskirtis. Rastrinių vaizdų apdorojimo elementai. Vektorinė grafika, SVG formatas. Vizualizacijos metodai biologijoje ir medicinoje.</p> |
| Pagrindinės literatūros sąrašas <i>(Reading list)</i> | <ol style="list-style-type: none"> 1. Durbin R., Eddy S., Krogh A., Mitchison G. (2001). Biological Sequence Analysis. Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids. University Press, Cambridge. 2. Higgins D., Taylor W. (eds) (2000). Bioinformatics: Sequence, structure and databanks. Oxford University Press. 3. Konopka A. K., Crabbe M. J. C. (eds) (2004). Compact Handbook of Computational Biology. Marcel Dekker |
| Papildomos literatūros sąrašas | <ol style="list-style-type: none"> 1. Ewens W. J., Grant G. (2001). Statistical Methods in Bioinformatics. Springer. 2. Bourne P. E., Weissig H. (eds) (2003). Structural Bioinformatics. John Wiley & Sons |
| Mokymo metodai <i>(Teaching methods)</i> | Paskaitos, 4 laboratoriniai darbai. |

| | |
|--|---|
| Lankomumo reikalavimai <i>(Attendance requirements)</i> | Būtina lankyti ne mažiau 75% pratybų, būtina atsiskaityti už visus laboratorinius darbus. |
| Atsiskaitymo reikalavimai <i>(Assessment requirements)</i> | Egzaminas. |
| Vertinimo būdas <i>(Assessment methods)</i> | Egzaminas (70%) ir laboratorinių darbų įvertinimai (30%). |
| Aprobuota katedros | 2007-03-06, atnaujinta 2008 |
| Patvirtinta Studijų programos komiteto | |