

Dalyko sando aprašas

Bioinformatika
nuo 2010-2011 mokslo metų

Dalyko sando kodas (<i>Course unit code</i>)	BINF2314
Dalyko sando pavadinimas (<i>Course unit title</i>)	Bioinformatika III (struktūrinė bioinformatika)
Dėstytojo (-jų) pedagoginis vardas, vardas ir pavardė (<i>Name and title of lecturer</i>)	Dr. Saulius Gražulis, dr. Česlovas Venclovas
Katedra, centras	Biotechnologijos institutas, Matematinės informatikos katedra
Fakultetas, padalinys	Matematikos ir informatikos
Dalyko sando lygis (<i>Level of course</i>)	Pirmosios pakopos
Semestras (<i>Semester</i>)	Pavasario (6)
ECTS kreditai (<i>ECTS credits</i>)	4,5
VU kreditai (<i>VU credits</i>)	3
Auditorinės valandos	Viso dalyko 64 Paskaitų 32 Seminarų Laboratorinių darbų 32 Konsultacijų
Reikalavimai (<i>Prerequisites</i>)	Informatika, bendroji biologija, bioinformatika I, bioinformatika II
Dėstomoji kalba (<i>Language of instruction</i>)	Lietuvių
Dalyko sando tikslai ir numatomi gebėjimai (<i>Objectives and learning outcomes</i>)	Supažindinti su biomolekulių struktūromis, jų santykių su molekuline/biologine funkcija, taip pat su struktūrų gavimo, analizės ir nusakymo metodais. Numatomi gebėjimai: suprasti struktūrinių duomenų panaudojimo galimybes, mokėti įvertinti jų patikimumą, naudotis kai kuriais struktūrų analizės metodais, savarankiškai kurti programas ir algoritmus struktūrinei informacijai apdoroti.
Dalyko sando turinys (<i>Course unit content</i>)	Erdvinės (trimatės) biomolekulių struktūros (baltymai, DNR, RNR). Organinių molekulių erdvinės struktūros. Biomolekulių struktūrų eksperimentiniai nustatymo metodai (kristalografija, BMR, elektroninė mikroskopija), gautų duomenų patikimumo vertinimas, kompiuterinių metodų pagalba nustatant struktūras. Kompiuteriniai failų formatai struktūrų duomenims užrašyti, jų apdorojimas. Neorganinių kristalų, organinių

	<p>kristalų ir makromolekulių struktūrų aprašymas kompiuteriuse, geometrinės struktūrų savybės. Skaičiavimai pasitelkiant struktūrinę informaciją. Struktūrų kokybės įvertinimas.</p> <p>Baltymų ir nukleorūgščių struktūrų apžvalga, analizė ir klasifikacija (metodai, duomenų bazės).</p> <p>Makromolekulių tarpusavio sąveika, jų kompleksai. Baltymų struktūros ir funkcijos ryšys.</p>
Pagrindinės literatūros sąrašas <i>(Reading list)</i>	<p>1. Anna Tramontano, Protein Structure Prediction, Wiley-VCH 2006</p> <p>2. А. В. Финкельштейн, О. Б. Птицын, Физика Белка, Москва, КДУ, 2005</p> <p>3. Practical Bioinformatics, ed. by Janusz Bujnicki, Springer 2004</p> <p>4. Carl Branden, John Tooze, Introduction to Protein Structure 1991 or Second Edition</p>
Papildomos literatūros sąrašas	<p>1. Apžvalgos ir originalūs straipsniai, susiję su kurso tema.</p> <p>2. Arthur M. Lesk Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press, 2002.</p>
Mokymo metodai <i>(Teaching methods)</i>	Paskaitos, 16 laboratorinių darbų.
Lankomumo reikalavimai <i>(Attendance requirements)</i>	Būtina lankyti ne mažiau 80% paskaitų ir 80% laboratorinių darbų, pilnai atsiskaityti už individualias praktines užduotis.
Atsiskaitymo reikalavimai <i>(Assessment requirements)</i>	koliokviumas raštu, egzaminas raštu
Vertinimo būdas <i>(Assessment methods)</i>	<p>Teorijos įvertinimas (darbas paskaitose, tarpinis kontrolinis, egzamino kontrolinis) (50%) ir praktikos darbų užduotys (50%).</p> <p>Baigiamasis pažymys $P = 0,5 \times P(\text{praktikos darbai}) + 0,1 \times P(\text{darbas paskaitose}) + 0,15 \times P(\text{tarpinis kontrolinis}) + 0,25 \times P(\text{galutinis egzaminas})$</p>
Aprobuota katedros	2011-02-04 (patikslintas)
Patvirtinta Studijų programos komiteto	2011-02-07