



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Wizualizacja strukturalna [S1Bioinf1>WIZST]

Przedmiot

Kierunek studiów

Bioinformatyka

Rok/Semestr

4/7

Studia w zakresie (specjalność)

–

Profil studiów

ogólnoakademicki

Poziom studiów

pierwszego stopnia

Język oferowanego przedmiotu

polski

Forma studiów

stacjonarne

Wymagalność

obieralny

Liczba godzin

Wykład

15

Laboratorium

15

Inne

0

Ćwiczenia

0

Projekty/seminaria

0

Liczba punktów ECTS

2,00

Koordynatorzy

dr hab. inż. Tomasz Żok prof. PP
tomasz.zok@put.poznan.pl

Wykładowcy

Wymagania wstępne

Student rozpoczynający ten przedmiot powinien posiadać podstawową wiedzę o biologii strukturalnej, programowaniu oraz grafice komputerowej. Powinien również posiadać umiejętność pozyskiwania informacji ze źródeł, w szczególności w języku angielskim, oraz wykazywać się kreatywnością i ciekawością poznawczą.

Cel przedmiotu

Przekazanie studentom wiedzy dotyczącej wizualizacji danych strukturalnych. Zapoznanie z najlepszymi praktykami i metodami na zarówno rzetelne, jak i ciekawe dla odbiorcy przedstawienie danych o strukturach cząsteczek biologicznych.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

1. Zna wybrane metody wizualizacji struktur cząsteczek biologicznych.
2. Zna najlepsze praktyki dotyczące tworzenia wykresów i diagramów.
3. Zna narzędzia i biblioteki programistyczne do przygotowywania wizualizacji danych.

Umiejętności:

1. Umie przygotować wykresy i diagramy, a także wizualizacje struktur drugo- i trzeciorzędowych cząsteczek biologicznych.
2. Umie wykorzystać wizualne metody do wyróżnienia istotnych cech w strukturze cząsteczki biologicznej.
3. Umie zaprojektować i stworzyć własne oprogramowanie do analizy danych strukturalnych i wizualizacji wyników.

Kompetencje społeczne:

1. Rozumie znaczenie wizualizacji w efektywnej komunikacji związanej z wykonywaniem zawodu.
2. Rozumie, że przygotowanie odpowiedniej wizualizacji wymaga przygotowań oraz dużej staranności.
3. Rozumie potrzebę stałego podnoszenia własnych kompetencji, zwłaszcza w kontekście wiedzy o najnowszych sposobach wizualizacji danych.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Wiedza nabyta w ramach wykładu weryfikowana jest przez kolokwium podczas ostatniego wykładu w semestrze. Kolokwium składa z 10-15 pytań (testowych i otwartych), różnie punktowanych. Próg zaliczeniowy: 50% punktów. Zagadnienia zaliczeniowe przedstawione zostaną w trakcie wykładów. Umiejętności nabyte w ramach zajęć laboratoryjnych weryfikowane będą na podstawie oceny projektów wykonywanych przez studentów w trakcie semestru. Na ocenę projektu wpływa złożoność podjętego problemu (studenci będą mogli pracować nad podstawowymi lub rozszerzonymi zagadnieniami), jakość przygotowanego kodu oraz sprawozdania, a także prezentacja w trakcie, której student będzie referował uzyskane wyniki.

Treści programowe

- Ogólna wizualizacja danych
- Klasyczne i współczesne algorytmy wizualizacji struktur RNA
- Alignment strukturalny
- Podstawowe i zaawansowane wykorzystanie narzędzia PyMOL
- Mapy gęstości elektronowej oraz EM

Tematyka zajęć

Kurs składa się z siedmiu wykładów. Pierwsze wykłady dotyczyć będą podstawowych informacji o strukturach drugo- i trzeciorzędowych białek i RNA ze szczególnym uwzględnieniem klasycznych podejść do ich wizualizacji. Omówione zostaną motywy strukturalne i inne elementy, które można wizualnie wyróżnić. Kolejne wykłady przedstawiały wybrane metody do ekstrakcji dodatkowych informacji i jej wizualizacji np. mapa kontaktów lub wykres Ramachandrana. Dalsze wykłady przedstawiały wizualne sposoby na porównywanie wielu struktur cząsteczek biologicznych. W ramach wykładów studenci poznają również podstawy doboru kolorów oraz najlepsze praktyki dotyczące przygotowywania wykresów, diagramów i wizualizacji.

Ćwiczenia laboratoryjne powiązane są tematycznie z wykładami. W laboratorium komputerowym studenci realizować będą zadania na podstawie przygotowanego skryptu i publicznie dostępnych danych strukturalnych. Zadania polegać będą na wykorzystaniu ogólnodostępnych narzędzi oraz na projektowaniu i implementacji własnego oprogramowania. Wyniki w postaci wykresów, diagramów, rysunków i filmów będą stanowiły część sprawozdania, które wraz z prezentacją będzie podlegać ocenie.

Metody dydaktyczne

1. Wykład: prezentacja multimedialna
2. Ćwiczenia laboratoryjne: prezentacja multimedialna, ćwiczenia praktyczne, przygotowywanie sprawozdań

Literatura

Podstawowa

1. F. J. Burkowski „Computational and Visualization Techniques for Structural Bioinformatics Using Chimera”

2. T. Skern, „Exploring Protein Structure: Principles and Practice”

Uzupełniająca

1. E. Picardi, „RNA Bioinformatics”

2. J. Gu, P. E. Bourne, „Structural Bioinformatics”

3. F. Biecek, „Odkrywać! Ujawniać! Objaśniać! Zbiór esejów o sztuce prezentowania danych”

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	50	2,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	30	1,00
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwίων/egzaminu, wykonanie projektu)	20	1,00