



### Ramowy program przedmiotu

1. Nazwa przedmiotu: **Biologia systemowa in silico**
2. Przedmioty wprowadzające: zastosowanie komputerów, genetyka, bioinformatyka

**Kierunek: Biologia -licencjat**  
**Rodzaj studiów: stacjonarne I stopnia**  
 Specjalność: *wszystkie*

Wykłady (h) -

Ćwiczenia (h) 30

Punkty ECTS .....

Prowadzący (koordynator przedmiotu)

Krzysztof Pawłowski

Nr przedmiotu .....

Data opracowania programu

.....

3. Założenia i cele przedmiotu:

Celem proponowanych zajęć jest zaznajomienie studentów z paradygmatem biologii systemowej, z nowoczesnymi bazami danych i innymi internetowymi narzędziami biologii systemowej in silico, a szczególnie ułatwienie wyszukiwania i wykorzystania informacji literatury biologicznej.

4. Tematy wykładów/ćwiczeń (treści programowe):

- I. Idea biologii systemowej. Redukcjonizm a holizm w biologii. Sieci zależności między obiektami biologicznymi. Geny, białka, metabolity, inne obiekty molekularne. Akademickie oraz komercyjne narzędzia analizy sieci zależności. String, Ingenuity, Metacore.

- ii. „Omika”: genomika, proteomika, metabonomika. Obliczeniowe metody w biologii wielkoskalowej (*high-throughput biology*). Metody analizy danych genomicznych (ekspresji genów).
- iii. Bazy danych zależności biologicznych. Bazy danych ekspresji genów. Bazy danych oddziaływań białko-białko. Bazy danych ścieżek metabolicznych i sygnalizacyjnych.
- iv. Metody prezentacji wielowymiarowych danych biologicznych. Ćwiczenia – sieci zależności biologicznych, kwerendy w bazach danych ekspresji genów.
- v. Analiza *in silico* i symulacje dużych systemów – ścieżki sygnalizacyjne oraz komórki.
- vi. Informacja a wiedza. Od wyszukiwania informacji do budowania wiedzy. Literaturowe bazy danych w Internecie. Medline. Analiza tekstów (*text mining*), przetwarzanie języka naturalnego (*NLP, natural language processing*).
- vii. Sposoby uporządkowanego zapisu informacji. Uporządkowane słowniki. Ontologie. Ontologia genów (Gene Ontology), Słownik terminów biomedycznych MeSH.
- viii. Ćwiczenia – wyszukiwanie informacji. *Medline, scholar.google*.
- ix. Bioinformatyka genomów. Wykorzystanie informacji genomicznych. Genomika porównawcza. Przeglądarki genomów (*genome browsers*): NCBI, Ensembl, UCSC.
- x. Ćwiczenia – przeglądarki genomowe
- xi. Genomika strukturalna. Klasyfikacja struktur białkowych. Narzędzia do porównywania struktur. Ćwiczenia – porównywanie struktur.
- xii. Bioinformatyka miRNA (mikro RNA)
- xiii. Ewolucyjna biologia systemowa oraz paleogenomika.
- xiv. Zastosowania biologii systemowej w biotechnologii i przemyśle farmaceutycznym
- xv. Podsumowanie - zaliczenie

#### 5. Metody i pomoce dydaktyczne:

Wykład oraz praktyczne ćwiczenia komputerowe z wykorzystaniem baz danych oraz innych narzędzi biologii systemowej i bioinformatycznych dostępnych w Internecie, m. in. narzędzi z portali NCBI, EBI, Hop, String,

6. Forma zaliczenia przedmiotu:

Kolokwium: praktyczne rozwiązywanie zadań przy użyciu narzędzi bioinformatycznych

7. Autorzy programu ramowego, Wydział/Katedra:

Dr Krzysztof Pawłowski

(Wydział Rolnictwa i Biologii, d. Katedra Biometrii, obecnie Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki)

8. Literatura (podstawowa i uzupełniająca):

Podstawowa:

The NCBI Handbook

McEntyre, J.; Ostell, J.,

Uzupełniająca:

Podana na zajęciach

A handwritten signature in blue ink, reading "Krzysztof Pawłowski". The signature is written in a cursive style with some stylized letters.