



ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΚΥΠΡΟΥ
ΤΜΗΜΑ ΒΙΟΛΟΓΙΚΩΝ ΕΠΙΣΤΗΜΩΝ

(BIO 650) Ειδικά Θέματα Βιοπληροφορικής

Διδάσκων: Βασίλειος Ι. Προμπονάς, *Ph.D.*

Επίκουρος Καθηγητής Βιοπληροφορικής

ΓΕΝΙΚΕΣ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΕΣ

Διαλέξεις

Δευτέρα και Πέμπτη 18:00 – 19:30, ΘΕΕ01-020

Φροντιστήριο

Τετάρτη 14:00-15:00, ΘΕΕ01-020

Σημείωση: Η παρακολούθηση σύμφωνα με τους κανόνες του Πανεπιστημίου Κύπρου είναι *υποχρεωτική*.

ΣΤΟΧΟΙ ΜΑΘΗΜΑΤΟΣ

Αυτή η σειρά μαθημάτων εξετάζει σε βάθος επιλεγμένες βιοπληροφορικές μεθοδολογίες και αλγορίθμους που χρησιμοποιούνται σε μεγάλη κλίμακα στην έρευνα σε τομείς όπως Μοριακή Βιολογία, Γενετική και Γονιδιωματική. Στόχος του μαθήματος είναι οι μεταπτυχιακοί φοιτητές, πέρα από τη χρήση λογισμικού Βιοπληροφορικής ως “μαύρο κουτί”, να αποκτήσουν σε βάθος γνώση για τις αρχές στις οποίες βασίζεται, γεγονός το οποίο είναι απαραίτητο τόσο για τη σωστή και αποδοτική χρήση τους όσο και για την ορθή αποτίμηση των παρεχόμενων αποτελεσμάτων. Αυτό επιτυγχάνεται μέσα από *σειρά διαλέξεων, κύκλους συζητήσεων και παρουσίαση* από τους φοιτητές επιλεγμένων πρωτότυπων εργασιών και ανασκοπήσεων, οι οποίες εκτός των άλλων καταδεικνύουν τα οφέλη άλλων κλάδων της βιολογίας από την ορθή χρήση μεθόδων Βιοπληροφορικής.

ΠΡΟΚΑΤΑΡΚΤΙΚΟ ΠΡΟΓΡΑΜΜΑ ΔΙΔΑΣΚΑΛΙΑΣ

A/A	Ημέρα	Ημερομηνία	Περιγραφή
1.			Κατατόπιση στο πρόγραμμα διδασκαλίας και αξιολόγησης
Υπολογιστική Ανάλυση Αλληλουχιών Βιολογικών Μακρομορίων			
2.			Εισαγωγή στις ακολουθίες βιολογικών μακρομορίων και στοιχεία Μοριακής Εξέλιξης
3.			Ομοιότητα ακολουθιών και ομολογία
4.			Αλγόριθμοι εύρεσης ομοιοτήτων ακολουθιών (Μέρος I: Στοιχίσεις ακολουθιών κατά ζεύγη)
5.			Αλγόριθμοι εύρεσης ομοιοτήτων ακολουθιών (Μέρος II: Ευριστικές μέθοδοι αναζήτησης σε βάσεις δεδομένων)
6.			Αλγόριθμοι εύρεσης ομοιοτήτων ακολουθιών (Μέρος III: Έλεγχος στατιστικής σημαντικότητας)
7.			Πίνακες αντικατάστασης PAM και BLOSUM και εναλλακτικές προσεγγίσεις
8.			Πολλαπλές στοιχίσεις ακολουθιών (Μέρος I: Προοδευτικές μέθοδοι)
9.			Πολλαπλές στοιχίσεις ακολουθιών (Μέρος II: Εναλλακτικές προσεγγίσεις)
10.			Μέθοδοι αναζήτησης απομακρυσμένων ομολόγων
11.			Χαρακτηρισμός, ανακάλυψη και αναζήτηση μοτίβων αλληλουχιών
12.			Επαναλήψεις (τέλειες-ατελείς, περιοδικές-μη περιοδικές) – Περιοχές με ακραία σύσταση / χαμηλή πολυπλοκότητα
13.			ΕΝΔΙΑΜΕΣΗ ΕΞΕΤΑΣΗ
Υπολογιστική Ανάλυση Πρωτεϊνικών Δομών			
14.			Αρχιτεκτονική της τρισδιάστατης δομής πρωτεϊνών
15.			Σύγκριση και κατηγοριοποίηση πρωτεϊνικών δομών
16.			Πρόγνωση δομής πρωτεϊνών (Μέρος I)
17.			Πρόγνωση δομής πρωτεϊνών (Μέρος II)
18.			Από την πρωτεϊνική δομή στη λειτουργία – Επιλεγμένα παραδείγματα
Επιλεγμένες Υπολογιστικές Τεχνικές και Εφαρμογές			
19.			Δίκτυα Γονιδίων/Πρωτεϊνών – Έννοιες και προσεγγίσεις - Πρόβλεψη (φυσικών) αλληλεπιδράσεων πρωτεΐνης-πρωτεΐνης
20.			Αρχές Υπολογιστικών Τεχνικών για την πρόγνωση δομικών/λειτουργικών χαρακτηριστικών πρωτεϊνών/γονιδίων I: Μέθοδοι Ομαδοποίησης (Clustering), Εμπειρικές και στατιστικές μέθοδοι

A/A	Ημέρα	Ημερομηνία	Περιγραφή
21.			Αρχές Υπολογιστικών Τεχνικών για την πρόγνωση δομικών/λειτουργικών χαρακτηριστικών πρωτεϊνών/γονιδίων II: Τεχνητά Νευρωνικά Δίκτυα
22.			Αρχές Υπολογιστικών Τεχνικών για την πρόγνωση δομικών/λειτουργικών χαρακτηριστικών πρωτεϊνών/γονιδίων III: Markov Chain και Hidden Markov Models Support Vector Machines
23.			ΣΕΜΙΝΑΡΙΑ: Παρουσίαση Επιλεγμένων Εργασιών
24.			Αρχές Υπολογιστικών Τεχνικών για τη μελέτη της Βιοποικιλότητας
25.			Τελική Εξέταση

ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ

Ο τελικός βαθμός προκύπτει με πολλαπλά κριτήρια αξιολόγησης, τα οποία παρατίθενται αμέσως παρακάτω:

Μέσο Αξιολόγησης	Ποσοστό Τελικού Βαθμού
Κατ' οίκον εργασία (ΚΟ)	10%
Σεμινάριο (ΣΕ)	20%
Ενδιάμεση εξέταση (ΕΕ)	20%
Τελική εξέταση (ΤΕ)	50%

$$\text{Τελικός Βαθμός} = 0.5 \cdot \text{ΤΕ} + 0.1 \cdot \text{ΚΟ} + 0.2 \cdot (\text{ΣΕ} + \text{ΕΕ})$$

Προαιρετικά, σε συνεννόηση με το διδάσκοντα, μπορεί να αξιολογηθεί ένα μίνι-ερευνητικό πρόγραμμα (ΕΠ) με μέγιστη συνεισφορά ίση με το 50% του συνολικού βαθμού, όπως φαίνεται παρακάτω:

Μέσο Αξιολόγησης	Ποσοστό Τελικού Βαθμού
Σεμινάριο (ΣΕ)	15%
Μίνι-Ερευνητικό πρόγραμμα (ΕΠ)	50%
Ενδιάμεση εξέταση (ΕΕ)	10%
Τελική εξέταση (ΤΕ)	25%

$$\text{Τελικός Βαθμός} = 0.15 \cdot \text{ΣΕ} + 0.5 \cdot \text{ΕΠ} + 0.1 \cdot \text{ΕΕ} + 0.25 \cdot \text{ΤΕ}$$

Παρατηρήσεις

1. Για κάθε εργασία θα δίνεται λογική διορία η οποία θα ανακοινώνεται στις διαλέξεις. Οι εργασίες παραδίδονται σε ηλεκτρονική μορφή μέσω email στο διδάσκοντα, εκτός και εάν υπάρξει διαφορετική ανακοίνωση.
2. Εκπρόθεσμες εργασίες δε γίνονται δεκτές, παρά μόνο σε εξαιρετικές περιπτώσεις και μετά από έγκαιρη ενημέρωση του διδάσκοντα.

3. Η συνεργασία μεταξύ των φοιτητών στις κατ' οίκον εργασίες ενθαρρύνεται στο πλαίσιο της συζήτησης για τη γενικότερη προσέγγιση επίλυσης συγκεκριμένων προβλημάτων. Κατά τα άλλα οι εργασίες είναι *αυστηρά ατομικές*, εκτός και εάν ανατεθούν ομαδικές εργασίες από τον διδάσκοντα. Στην περίπτωση ανάθεσης ομαδικών εργασιών θα πρέπει να γίνεται ειδική μνεία στη συνεισφορά κάθε φοιτητή στη διαμόρφωση της τελικής εργασίας.
4. Τα σεμινάρια και τα αποτελέσματα των μίνι-ερευνητικών προγραμμάτων θα παρουσιαστούν προφορικά, με ακροατήριο όλους τους συμμετέχοντες στο μάθημα την προτελευταία εβδομάδα του εξαμήνου. Οι φοιτητές παραδίδουν και το κείμενο και την παρουσίασή τους για αξιολόγηση τουλάχιστον μία εβδομάδα πριν την παρουσίασή τους.
5. Οποιαδήποτε προσπάθεια λογοκλοπής (plagiarism), αντιγραφής καθώς και συμπεριφορές αντίθετες με την Ακαδημαϊκή δεοντολογία, θα αντιμετωπίζονται σύμφωνα με τους σχετικούς κανόνες του Πανεπιστημίου Κύπρου.

ΠΡΟΤΕΙΝΟΜΕΝΑ ΔΙΔΑΚΤΙΚΑ ΕΓΧΕΙΡΙΔΙΑ

ΥΛΙΚΟ ΜΑΘΗΜΑΤΟΣ

1. Σημειώσεις του Διδάσκοντα
2. Ηλεκτρονικό υλικό και ασκήσεις στην ιστοσελίδα του μαθήματος
<http://troodos.biol.ucy.ac.cy/BRL/courses/BIO650/index.html>
3. Πρωτότυπες δημοσιεύσεις και άρθρα ανασκόπησης

ΒΙΒΛΙΑ

Ανάλυση Αλληλουχιών Βιομακρομορίων

1. Biological sequence analysis - Probabilistic models of proteins and nucleic acids

Authors: R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison
Cambridge University Press 1998
ISBN 0 521 62971 3

[Εξαιρετική εισαγωγή σε Hidden Markov Models για την ανάλυση αλληλουχιών]

2. Introduction to Computational Biology - Maps, sequences and genomes

Interdisciplinary Statistics
Author: Michael S. Waterman
Chapman & Hall/CRC
ISBN 0 412 99391 0

[Μαθηματικά αυστηρή θεμελίωση, Εκτενής παρουσίαση αλγορίθμων δυναμικού προγραμματισμού]

3. Bioinformatics - The machine learning approach (Second Edition)

Authors: Pierre Baldi & Soren Brunak
The MIT Press
ISBN 0 262 02506 X

[Μεθοδολογίες Μηχανικής μάθησης (HMMS, ANNs) για ανάλυση ακολουθιών βιομακρομορίων]

Δομική Υπολογιστική Βιολογία

1. Structural Bioinformatics

Edited by: Philip E. Bourne, Helge Weissig
Wiley-Liss
ISBN 0471 20199 5

[Εξαιρετικό σύγγραμμα, καλύπτει σε σημαντικό εύρος και βάθος την (υπολογιστική) βιολογία πρωτεϊνών]

2. Structural Bioinformatics: An Algorithmic Approach

Author: Forbes J. Burkowski
Chapman and Hall/CRC
ISBN 1584886838

[Νέο σύγγραμμα, καλύπτει αρκετές υπολογιστικές τεχνικές]

Γενικά Συγγράμματα Υπολογιστικής Βιολογίας - Βιοπληροφορικής

1. Understanding Bioinformatics

Authors: Marketa Zvelebil and Jeremy O. Baum

Garland Science

ISBN 0 8153 4024 9

2. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis (2nd ed)

Author: David W. Mount

CSHL Press, 2004

ISBN 0 87969 597 8

3. Bioinformatics and functional genomics

Author: Jonathan Pevsner

Wiley-Liss, 2003

ISBN 0 47121 004 8

4. "Bioinformatics for dummies"

Authors: Jean-Michel Claverie and Cedric Notredame

Wiley Publishing, Inc

ISBN 0 7645 1696 5

5. Βιοπληροφορική: Ένας πρακτικός οδηγός για την ανάλυση γονιδίων και πρωτεϊνών

A.D. Baxevanis, B.F. Francis Ouellette

(Δεύτερη έκδοση) Επιστημονικές Εκδόσεις Παρισιάνου Α.Ε.

ISBN 960-394-222-7

ΣΗΜΕΙΩΣΗ:

Σχετικές ανακοινώσεις θα αναρτώνται στην ιστοσελίδα του μαθήματος

<http://troodos.biol.ucy.ac.cy/BRL/courses/BIO650/index.html>

ΕΠΙΚΟΙΝΩΝΙΑ

Ώρες γραφείου

Τρίτη και Παρασκευή 14:00 – 15:00

Γραφείο: B161,

Κτήριο ΘΕΕ02, επίπεδο -1, Πτέρυγα Z

(Δίπλα στη γραμματεία του Τμήματος Βιολογικών

Επιστημών)

Στοιχεία Επικοινωνίας

Τηλ.: 22892879

email: vprobon [at] ucy [dot] ac [dot] cy