DERS TANITIM ve UYGULAMA BİLGİLERİ

Dersin Adı	Kodu	Yarıyıl	T+U+L (saat/hafta)	Türü (Z / S)	Yerel Kredi	AKTS
Yapısal Biyoinformatik	MBG 428	Güz-Bahar	03+00+00	Seçmeli	3	5

Akademik Birim:	Moleküler Biyoloji ve Genetik
Öğrenim Türü:	Örgün Eğitim
Ön Koşullar	Yok
Öğrenim Dili:	İngilizce
Dersin Düzeyi:	Lisans
Dersin Koordinatörü:	- -
Dersin Amacı:	Bu dersin amacı proteinin üç boyutlu yapısını ortaya çıkartmak için kullanılan deneysel yöntemleri ve biyolojik olayların arkasında yatan mekanizmayı anlamak için protein verilerinim analizini anlatmaktır. Aynı zamanda, protein veri bankalarındaki bilginin elde edilme yöntemlerini ve analiz için kullanılan grafik görüntüleme tekniklerini tanıtmaktadır. Son olarak, proteinin iki ve üç boyutlu yapılarını hesaplamalı yöntemlerle tahmin eden algoritmaları ve ilaç tasarım tekniklerini ayrıntılı olarak ele almaktadır.
Dersin İçeriği:	İlk derste protein yapısının temelleri verilmektedir. Proteinin üç boyutlu yapısını ortaya çıkartmak için kullanılan X-ışını kristalografi ve NMR gibi deneysel yöntemler ve Protein Veri Bankası'ndan protein yapısı ile ilgili verilerin çekilmesi gösterilmektedir. PyMOL ve VMD gibi grafik görüntüleme yöntemleri tanıtılmaktadır. Proteinin iki boyutlu yapısının tahmini, ayrıca homoloji modelleme gibi yöntemlerle üç boyutlu yapıyı tahmin etme yöntemleri ayrıntılı bir şekilde ele alınmaktadır. Son olarak, protein-protein ara yüzey bölgeleri, protein-ligand ve protein-protein doking algoritmalarından bahsedilmektedir.
Dersin Öğrenme Çıktıları (ÖÇ):	• **1-** Protein yapısının temelleri hakkında bilgi sahibi olmak • **2-** X-ışını kristalografi ve NMR yöntemlerini anlamak • **3-** Protein veri bankalarını taramak ve bilgi çekebilmek • **4-** VMD ve PyMOL gibi grafik görüntüleme tekniklerini kullanabilmek • **5-** Proteinin iki boyutlu yapısını tahmin eden algoritmalar hakkında bilgilenmek • **6-** Proteinin yapısından işlevi hakkında bilgi edinebilmek • **7-** Protein-protein arayüzey bölgelerini tahmin edebilmek • **8-** Homoloji modelleme, fold tanımı ve ab initio tekniklerini kullanabilmek • **9-** Protein-ligand ve protein-protein doking yapabilmek
Dersin Öğrenme Yöntem ve Teknikleri	İki ara sınav, bir final, ödevler ve sunumlar

HAFTALIK PROGRAM

Hafta	Konular	Ön Hazırlık
1	Proteinin yapısı hakkında temel bilgiler	İlgili konunun okunması
2	Proteinin yapısı hakkında temel bilgiler	İlgili konunun okunması
3	X-ışını kristalografisi ve NMR teknikleri	İlgili konunun okunması
4	Protein Veri Bankası ve diğer yapı tabanlı veri bankaları	İlgili konunun okunması
5	Moleküler Görüntüleme Araçları: PyMOL ve VMD	İlgili konunun okunması
6	Ara Sınav I	İlk beş hafta anlatılan konuların tekrarı
7	VMD klavuzundan çalışma	İlgili konunun okunması
8	VMD klavuzundan çalışma	İlgili konunun okunması
9	Sekonder yapının tahmin edilmesi	İlgili konunun okunması
10	Protein işlevinin protein yapısına bakılarak tahmin edilmesi	İlgili konunun okunması

11	Protein-Protein Arayüzeylerinin tahmin edilmesi	İlgili konunun okunması
12	Homoloji modelleme, Threading, ve ab initio teknikleri	İlgili konunun okunması
13	Ara Sınav II	Son altı hafta anlatılan konuların tekrarı
14	Doking ve Ligand tasarım teknikleri	İlgili konunun okunması

Kadir Has Üniversitesi'nde bir dönem 14 haftadır, 15. ve 16. hafta sınav haftalarıdır.

ZORUNLU ve ÖNERİLEN OKUMALAR

Structural Bioinformatics by P.E.Bourne and H. Weissig, 2nd edition, John Wiley & Sons, Inc.

DİĞER KAYNAKLAR

Essential Bioinformatics by J. Xiong, Cambridge University Press, 2006.
Bioinformatics and Functional Genomics by J. Pevsner, 2nd edition, Wiley-Liss 2009

DEĞERLENDİRME SİSTEMİ

Yarıyıl İçi Çalışmaları	**Sayı**	**Katkı Payı (%)**
Katılım	14	2
Proje	1	10
Ödev	8	18
Sunum/Jüri	1	5
Ara Sınavlar/Sözlü Sınavlar/Kısa Sınavlar	2	25
Final Sınavı	1	40
Total:	**27**	**100**

İŞ YÜKÜ HESAPLAMASI

Etkinlikler	**Sayısı**	**Süresi (saat)**	**Toplam İş Yükü (saat)**
Ders Saati	14	3	42
Proje	1	15	15
Ödev	8	2	16
Sunum/Jüriye Hazırlık	1	7	7
Ara Sınavlar/Sözlü Sınavlar/Kısa Sınavlar	2	15	30
Final Sınavı	1	15	15
Toplam İş Yükü (saat):			**125**

1 AKTS = 25 saatlik iş yükü

PROGRAM YETERLİLİKLERİ (PY) ve ÖĞRENME ÇIKTILARI (ÖÇ) İLİŞKİSİ

#	PY1	PY2	PY3	PY4	PY5	PY6	PY7	PY8	PY9
OC1	3	3	3	3					3
OC2	3	3	3	3				3	3
OC3	3	3	3	3					3
OC4	3	3	3	3				3	3
OC5	3	3	3	3				3	3
OC6	3	3	3	3				3	3
OC7	3	3	3	3				3	3
OC8	3	3	3	3				3	3
OC9	3	3	3	3				3	3

Katkı Düzeyi: 1 Düşük, 2 Orta, 3 Yüksek