

Rok akademicki:		Grupa przedmiotów:		Numer katalogowy:	
-----------------	--	--------------------	--	-------------------	--

Nazwa przedmiotu ¹⁾ :	Bioinformatyka			ECTS ²⁾	3
Tłumaczenie nazwy na jęz. angielski ³⁾ :	Bioinformatics				
Kierunek studiów ⁴⁾ :	Biologia				
Koordinator przedmiotu ⁵⁾ :	Dr hab. Krzysztof Pawłowski				
Prowadzący zajęcia ⁶⁾ :	pracownicy katedry				
Jednostka realizująca ⁷⁾ :	Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, Wydział Rolnictwa i Biologii				
Wydział, dla którego przedmiot jest realizowany ⁸⁾ :					
Status przedmiotu ⁹⁾ :	a) przedmiot podstawowy	b) stopień II. rok I	c) stacjonarne / niestacjonarne		
Cykl dydaktyczny ¹⁰⁾ :	semestr zimowy	Jęz. wykładowy ¹¹⁾ : polski			
Założenia i cele przedmiotu ¹²⁾ :	Bioinformatyka jest niezbędnym narzędziem współczesnej biologii molekularnej i biologii ogólnie. Celem tego przedmiotu jest nauczenie korzystania z nowoczesnych narzędzi wyszukiwania i analizy informacji biologicznych.				
Formy dydaktyczne, liczba godzin ¹³⁾ :	<p>a) Wykład; liczba godzin 15.;</p> <p>b) ćwiczenia komputerowe; liczba godzin 30;</p>				
Metody dydaktyczne ¹⁴⁾ :	rozwiązywanie problemów biologicznych metodami obliczeniowymi, doświadczenia obliczeniowe, dyskusja, konsultacje				
Pełny opis przedmiotu ¹⁵⁾ :	<p>Literaturowe bazy danych. PubMed. Organizacja i zasady korzystania z publicznych biologicznych baz danych, sposoby poszukiwania informacji, korzystania z różnych formatów plików, operowanie dużymi plikami danych. Korzystanie z ontologii biomedycznych (Mesh).</p> <p>Analizy sekwencji biologicznych, narzędzia do porównywania i dopasowywania sekwencji oraz sekwencyjnego przeszukiwania baz danych. Analizy filogenetyczne, podstawowe zasady modeli filogenetycznych, interpretacja drzew filogenetycznych.</p> <p>Przewidywanie struktur białek- przewidywanie domen strukturalnych, topologii transmembranowej białka, modyfikacji postranslacyjnych. Metody wizualizacji, analizy i modelowania struktur białkowych – analiza miejsca aktywnego, analiza powierzchni wiązania receptor-ligand, strukturalne dopasowywanie podjednostek, minimalizacja energii</p> <p>Analiza genomu, techniki wielkoskalowej ekspresji genu, narzędzia obliczeniowe służące do analizy ekspresji genów. Wykorzystanie narzędzi biologii systemowej, bazy danych relacji między obiektami biologicznymi.</p>				
Wymagania formalne (przedmioty wprowadzające) ¹⁶⁾ :	zastosowanie komputerów, genetyka				
Założenia wstępne ¹⁷⁾ :	Podstawowa znajomość biologii molekularnej, chemii organicznej oraz genetyki. Podstawowa znajomość matematyki i statystyki.				
Efekty kształcenia ¹⁸⁾ :	01 - Potrafi wybrać odpowiednie narzędzia bioinformatyczne do realizacji zadania, 02 - Sprawnie korzysta z biologicznych baz danych, 03 - Posługuje się programami do wizualizacji i analiz sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych	04 - Posługuje się programami do wizualizacji i analiz struktur makrocząsteczek biologicznych 05 - Posługuje się bazami danych biologicznej literatury naukowej 06 - Zna i rozumie najczęściej stosowane metody bioinformatyczne			
Sposób weryfikacji efektów kształcenia ¹⁹⁾ :	Kolokwium sprawdzające wiedzę teoretyczną, Kolokwium praktyczne – rozwiązywanie problemów bioinformatycznych				
Forma dokumentacji osiągniętych efektów kształcenia ²⁰⁾ :	Karty kolokwiiw (teoretycznego i praktycznego) z ocenami				
Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową ²¹⁾ :	Kolokwium sprawdzające wiedzę teoretyczną: 50%, kolokwium praktyczne – rozwiązywanie problemów bioinformatycznych: 50%,				
Miejsce realizacji zajęć ²²⁾ :	sala dydaktyczna, pracownia komputerowa				
Literatura podstawowa i uzupełniająca ²³⁾ :	<ol style="list-style-type: none"> Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek A.D. Baxevanis, B.F. Ouellette PWN, 2005 Książka Bioinformatyka i ewolucja molekularna Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood PWN, 2012 http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed 				
UWAGI ²⁴⁾ :					

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot²⁵⁾ :
 15 h wykłady (1h/tydzień x 15 tygodni)
 30 h ćwiczenia komputerowe (2h/tydzień x 15 tygodni)
 3 h kolokwia zaliczeniowe
 15 h praca własna studenta
 7 h konsultacje
 5 h przygotowanie do kolokwium

Szacunkowa sumaryczna liczba godzin pracy studenta (kontaktowych i pracy własnej) niezbędna dla osiągnięcia zakładanych efektów kształcenia ¹⁸⁾ - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS ²⁾ :	75 h
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich:	2 ECTS
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje w ramach zajęć o charakterze praktycznym, takich jak zajęcia laboratoryjne.	1,5

Tabela zgodności kierunkowych efektów kształcenia efektami przedmiotu ²⁶⁾

Nr /symbol efektu	Wymienione w wierszu efekty kształcenia:	Odniesienie do efektów dla programu kształcenia na kierunku
01	Potrafi wybrać odpowiednie narzędzia bioinformatyczne do realizacji zadania,	K_W05
02	Sprawnie korzysta z biologicznych baz danych	K_W04
03	Posługuje się programami do wizualizacji i analiz sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych	K_U01, K_U03, K_U04, K_U05, K_U07
04	Posługuje się programami do wizualizacji i analiz struktur makrocząsteczek biologicznych	K_W02, K_W03, K_W04
05	Posługuje się bazami danych biologicznej literatury naukowej	K_W02
6	Zna i rozumie najczęściej stosowane metody bioinformatyczne	K_U05, K_U07