

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

Nazwa przedmiotu <sup>1)</sup> :	Bioinformatyka			ECTS <sup>2)</sup>	3
Tłumaczenie nazwy na jęz. angielski <sup>3)</sup> :	Bioinformatics				
Kierunek studiów <sup>4)</sup> :	Biologia				
Koordinator przedmiotu <sup>5)</sup> :	Dr hab. Krzysztof Pawłowski				
Prowadzący zajęcia <sup>6)</sup> :	pracownicy katedry				
Jednostka realizująca <sup>7)</sup> :	Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, Wydział Rolnictwa i Biologii				
Wydział, dla którego przedmiot jest realizowany <sup>8)</sup> :					
Status przedmiotu <sup>9)</sup> :	a) przedmiot podstawowy	b) stopień II. rok I	c) stacjonarne / niestacjonarne		
Cykl dydaktyczny <sup>10)</sup> :	semestr zimowy	Jęz. wykładowy <sup>11)</sup> : polski			
Założenia i cele przedmiotu <sup>12)</sup> :	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 <sup>13)</sup> :	a) Wykład; liczba godzin 15.; b) ćwiczenia komputerowe; liczba godzin 30;				
Metody dydaktyczne <sup>14)</sup> :	rozwiązywanie problemów biologicznych metodami obliczeniowymi, doświadczenia obliczeniowe, dyskusja, konsultacje				
Pełny opis przedmiotu <sup>15)</sup> :	<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) <sup>16)</sup> :	zastosowanie komputerów, genetyka				
Założenia wstępne <sup>17)</sup> :	Podstawowa znajomość biologii molekularnej, chemii organicznej oraz genetyki. Podstawowa znajomość matematyki i statystyki.				
Efekty kształcenia <sup>18)</sup> :	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 <sup>19)</sup> :	<b>Kolokwium sprawdzające wiedzę teoretyczną, Kolokwium praktyczne – rozwiązywanie problemów bioinformatycznych</b>				
Forma dokumentacji osiągniętych efektów kształcenia <sup>20)</sup> :	Karty kolokwium (teoretycznego i praktycznego) z ocenami				
Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową <sup>21)</sup> :	<b>Kolokwium sprawdzające wiedzę teoretyczną: 50%, kolokwium praktyczne – rozwiązywanie problemów bioinformatycznych: 50%,</b>				
Miejsce realizacji zajęć <sup>22)</sup> :	sala dydaktyczna, pracownia komputerowa				
Literatura podstawowa i uzupełniająca <sup>23)</sup> :	1. Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek A.D. Baxevanis, B.F. Ouellette PWN, 2005 2. Książka Bioinformatyka i ewolucja molekularna Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood PWN, 2012 3. <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books</a> 4. <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed</a> 5.				
UWAGI <sup>24)</sup> :					

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot<sup>25)</sup> :  
 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 <sup>18)</sup> - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS <sup>2</sup> :	<b>75 h</b>
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich:	<b>2 ECTS</b>
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje w ramach zajęć o charakterze praktycznym, takich jak zajęcia laboratoryjne.	<b>1,5</b>

Tabela zgodności kierunkowych efektów kształcenia efektami przedmiotu <sup>26)</sup>

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