

| | | | | | |
|-----------------|-------------|--------------------|--|-------------------|--|
| Rok akademicki: | 2018 / 2019 | Grupa przedmiotów: | | Numer katalogowy: | |
|-----------------|-------------|--------------------|--|-------------------|--|

| | | | | | |
|--|---|--|---------------------------------|--------------------|---|
| Nazwa przedmiotu ¹⁾ : | Bioinformatyka | | | ECTS ²⁾ | 3 |
| Tłumaczenie nazwy na jęz. angielski ³⁾ : | Bioinformatics | | | | |
| Kierunek studiów ⁴⁾ : | Biologia | | | | |
| Koordynator przedmiotu ⁵⁾ : | Dr hab. Krzysztof Pawłowski | | | | |
| Prowadzący zajęcia ⁶⁾ : | Dr hab. Krzysztof Pawłowski, dr Małgorzata Dudkiewicz, 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 nauczanie korzystania z nowoczesnych narzędzi wyszukiwania i analizy informacji biologicznych. | | | | |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin ¹³⁾ : | a) Wykład; liczba godzin 15.; b) ćwiczenia komputerowe; liczba godzin 30; c); liczba godzin; d); liczba godzin; | | | | |
| 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 posttranslacyjnych. 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 kolokwium (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⁾ : | 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. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books 4. 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 kolokwiów

| | |
|---|-----------------|
| 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, projektowe, itp.: | 1,5 ECTS |

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, | K2A_W01, K2A_W09, K2A_W10, K2A_W12, K2A_U01, K2A_U02, K2A_U10, K2A_U14, K2A_K01, K2A_K02, K2A_U16 |
| 02 | Sprawnie korzysta z biologicznych baz danych | K2A_W01, K2A_W09, K2A_W10, K2A_W12, K2A_U01, K2A_U03, K2A_U14, K2A_K01, K2A_K02 |
| 03 | Posługuje się programami do wizualizacji i analiz sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych | K2A_W01, K2A_W09, K2A_W10, K2A_W12, K2A_U01, K2A_U02, K2A_U14, K2A_K01 |
| 04 | Posługuje się programami do wizualizacji i analiz struktur makrocząsteczek biologicznych | K2A_W01, K2A_W09, K2A_W10, K2A_W12, K2A_U01, K2A_U03, K2A_U14, K2A_K01 |
| 05 | Posługuje się bazami danych biologicznej literatury naukowej | K2A_W01, K2A_W09, K2A_W10, K2A_W12, K2A_U01, K2A_U03, K2A_U14, K2A_K01 |
| 6 | Zna i rozumie najczęściej stosowane metody bioinformatyczne | K2A_W01, K2A_W09, K2A_W10, K2A_W12, K2A_U01, K2A_U03, K2A_U14, K2A_K01 |