



Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	PROGRAMOWANIE W BIOINFORMATYCE, PG_00039071						
Kierunek studiów	Biotechnologia						
Data rozpoczęcia studiów	luty 2022 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu	2022/2023				
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć	Grupa zajęć fakultatywnych				
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji	na uczelni				
Rok studiów	1	Język wykładowy	polski				
Semestr studiów	2	Liczba punktów ECTS	2.0				
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia	zaliczenie				
Jednostka prowadząca	Wydział Chemiczny -> Katedra Technologii Leków i Biochemii						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	dr hab. inż. Marek Wojciechowski					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu	dr hab. inż. Marek Wojciechowski					
Formy zajęć i metody nauczania	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	30.0	0.0	0.0	30
W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0							
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów	Udział w konsultacjach	Praca własna studenta	RAZEM		
	Liczba godzin pracy studenta	30	6.0	14.0	50		
Cel przedmiotu	Celem przedmiotu jest nauczenie studentów rozwiązywania różnorodnych zadań bioinformatycznych za pomocą skryptów pisanych w języku programowania python. Studenci poznają zarówno podstawy samego języka, jak i specjalistyczne biblioteki pozwalające efektywnie rozwiązywać, zarówno zaawansowane problemy bioinformatyczne, jak i inne zadania jakie napotyka się w praktyce inżynierskiej.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[K7_U06] umie stosować metody statystyczne, rozwiązania informatyczne, w szczególności metody bioinformatyczne do projektowania eksperymentów i technologii, analizy wyników eksperymentalnych i procesów technologicznych oraz rozwiązywania problemów z dziedziny biotechnologii, umie korzystać z biotechnologicznych baz danych	Student potrafi stosować metody statystyczne i zaprojektować algorytm pozwalający rozwiązywać zadania z zakresu bioinformatyki. Student potrafi korzystać z biotechnologicznych baz danych zarówno interaktywnie jak i za pomocą samodzielnie przygotowanych skryptów.		[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi [SU1] Ocena realizacji zadania			
	[K7_W07] ma poszerzoną i pogłębioną wiedzę o możliwościach i zastosowaniach informatyki w biotechnologii; w tym w szczególności wiedzę o ważniejszych zadaniach i aplikacjach bioinformatyki	Student zdaje sobie sprawę ze znaczenia narzędzi informatycznych w rozwiązywaniu problemów z zakresu biotechnologii i biologii molekularnej		[SW3] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym			
	[K7_K04] potrafi samodzielnie rozwiązywać problemy i wykonywać zadania; potrafi samodzielnie formułować pytania służące rozwiązaniu postawionego problemu lub zadania; potrafi zaplanować wykonanie większego zadania przez podział na zadania cząstkowe i sporządzenie odpowiedniego harmonogramu	Student potrafi samodzielnie formułować pytania prowadzące do rozwiązania postawionego przed nim zadania; potrafi zaplanować algorytm realizacji większego zadania, dzieląc je na logiczne etapy		[SK5] Ocena umiejętności rozwiązywania problemów występujących w praktyce			

Treści przedmiotu	<p>podstawowe elementy języka python</p> <p>podstawy korzystania z modułów numpy i matplotlib</p> <p>zastosowanie biblioteki biopython do realizacji projektów bioinformatycznych</p>		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	test praktyczny	60.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<p>Podstawy bioinformatyki, Jin Xiong, Warszawa, 1, 2011, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego</p> <p>Python. Wprowadzenie. Wydanie III, Mark Lutz, 2009, Wydawnictwo Helion</p>	
	Uzupełniająca lista lektur	Zanurkuj w pythonie, http://wikibooks.org	
	Adresy eZasobów		
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<p>Przygotowanie skryptu automatycznie analizującego strukturę zadanego białka i prezentującego wyniki w zwięzłej formie zarówno tekstowej jak i graficznej</p> <p>Przygotowanie skryptu odwołującego się do, zarówno strukturalnych jak i sekwencyjnych, baz danych i przeprowadzającego w sposób zautomatyzowany zadaną analizę porównawczą pomiędzy strukturami i sekwencjami</p>		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		