



Karta przedmiotu

|  |   |   |  |                        |   |                       |       |
|--|---|---|--|------------------------|---|-----------------------|-------|
| Nazwa i kod przedmiotu                   | PODSTAWY BIOINFORMATYKI, PG_00058230  |   |  |                        |   |                       |       |
| Kierunek studiów                         | Biotechnologia  |   |  |                        |   |                       |       |
| Data rozpoczęcia studiów                 | październik 2023 r.   | Rok akademicki realizacji przedmiotu                      |  |                        | 2023/2024   |                       |       |
| Poziom kształcenia                       | II stopnia  | Grupa zajęć   |  |                        | Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów                      |                       |       |
| Forma studiów                            | stacjonarne   | Sposób realizacji   |  |                        | na uczelni  |                       |       |
| Rok studiów                              | 1   | Język wykładowy   |  |                        | polski  |                       |       |
| Semestr studiów                          | 1   | 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   | 15.0  | 0.0  | 15.0                   | 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  |  | 2.0                    |   | 18.0                  | 50    |
| Cel przedmiotu                           | Celem tego przedmiotu jest zaznajomienie studentów zarówno z samą ideą algorytmu jak i podstawowymi metodami obliczeniowymi mającymi zastosowanie w analizie zagadnień z zakresu genomiki i biologii molekularnej. Studenci poznają metody analizy sekwencyjnej i strukturalnej białek. Na zajęciach omawiane są podstawowe biologiczne bazy danych i zasady korzystania z nich w efektywny sposób przy pomocy odpowiednich narzędzi. Na zajęciach laboratoryjnych studenci uczą się w praktyce wykorzystywać zdobywaną wiedzę do analizy konkretnych problemów bioinformatycznych. |   |  |                        |   |                       |       |
| Efekty uczenia się przedmiotu            | Efekt kierunkowy  |   | Efekt z przedmiotu   |                        | Sposób weryfikacji i oceny efektu   |                       |       |
|  | [K7_W04] ma uporządkowaną wiedzę dotyczącą zastosowania narzędzi informatycznych w biotechnologii i modelowaniu molekularnym biomolekuł   |   | Student zna podstawowe narzędzia informatyczne. i potrafi wykorzystać je do budowy i analizy właściwości biomolekuł oraz rozwiązywania problemów bioinformatycznych,   |                        | [SW3] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym         |                       |       |
|  | [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 posługiwać się zdalnymi jak i lokalnymi narzędziami informatycznymi, w tym bioinformatycznymi bazami danych, do rozwiązywania problemów z zakresu bioinformatyki. Student potrafi przeprowadzić poprawną analizę i interpretację uzyskanych wyników. |                        | [SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi                   |                       |       |
|  | [K7_K02] ma świadomość ograniczeń i konieczność nieustannego poszerzania się stanu wiedzy i techniki; rozumie potrzebę kształcenia i dokształcania się przez całe życie   |   | Student ma świadomość szybkości zmian zachodzących w biotechnologii i rozumie potrzebę ciągłego dokształcania się w tej dziedzinie   |                        | [SK5] Ocena umiejętności rozwiązywania problemów występujących w praktyce |                       |       |

|   |   |  |                         |
|---|---|--|-------------------------|
| Treści przedmiotu   | <p>Pojęcie algorytmu. Podstawowe konstrukcje programistyczne. Podstawowe struktury danych i wykonywane na nich operacje. Podstawowe abstrakcyjne struktury danych: listy, drzewa, stosy, kolejki. Techniki projektowania algorytmów: dziel i rządź, programowanie dynamiczne, algorytmy zachłanne, przeszukiwanie z nawrotami. Rekurencja. Złożoność obliczeniowa. Obieg informacji w żywych komórkach. Kod genetyczny. Replikacja, transkrypcja, translacja. Zależności pomiędzy sekwencją, strukturą i funkcją białek. Praca z lokalnymi i zdalnymi bazami danych. Macierze substytucji aminokwasów. Porównywanie par sekwencji. Przeszukiwanie sekwencyjnych baz danych. Analiza wyników przeszukiwania baz sekwencyjnych. Heurystyczne algorytmy przeszukiwania sekwencyjnych baz danych. Analiza filogenetyczna. Porównywanie wielu sekwencji. Motywy sekwencyjne, profile i wyrażenia regularne. Bazy danych struktur białkowych. Bazy danych rodzin białkowych i inne bazy drugiego rzędu. Porównywanie sekwencji i struktur białek. Analiza struktury i funkcji białek. Podstawowe metody przewidywania struktury trzeciorzędowej białek.</p> |  |                         |
| Wymagania wstępne i dodatkowe                                     |   |  |                         |
| Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się     | Sposób oceniania (składowe)   | Próg zaliczeniowy  | Składowa oceny końcowej |
|   | Kolokwium zaliczeniowe materiału wykładowego  | 60.0%  | 50.0%                   |
|   | Projekt praktyczny  | 60.0%  | 50.0%                   |
| Zalecana lista lektur   | Podstawowa lista lektur   | <p>1) Materiały dydaktyczne udostępniane przez prowadzącego.<br/>2) Bioinformatyka i ewolucja molekularna, P.G. Higgs, TK. Attwood, PWN, Warszawa 2008</p>               |                         |
|   | Uzupełniająca lista lektur  | <p>1) Wprowadzenie do teorii algorytmów, T.H.Cormen, Ch.E.Leiserson, R.L.Rivest, WNT, W-wa 1997.<br/>2) BIOINFORMATICS, ed. Paul H. Dear, SCION Publishing Ltd, 2007</p> |                         |
|   | Adresy eZasobów   | Adresy na platformie eNauczanie:   |                         |
| Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania | <p>1) Klasyfikacja i analiza funkcji białka w oparciu o jego strukturę pierwszorzędową<br/>2) Zbudowanie modelu struktury białka o niepoznanej eksperymentalnie strukturze w oparciu o jego sekwencję aminokwasową</p>  |  |                         |
| Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu                             | Nie dotyczy   |  |                         |