



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. 2) Bioinformatyka i ewolucja molekularna, P.G. Higgs, T.K. 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. 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 2) Zbudowanie modelu struktury białka o niepoznanej eksperymentalnie strukturze w oparciu o jego sekwencję aminokwasową</p>		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.