



Karta przedmiotu

| | | | | | | | |
|--|--|---|--|------------------------|---|-----------------------|-------|
| Nazwa i kod przedmiotu | PROGRAMOWANIE W BIOINFORMATYCE, PG_00058245 | | | | | | |
| Kierunek studiów | Biotechnologia | | | | | | |
| Data rozpoczęcia studiów | luty 2024 r. | Rok akademicki realizacji przedmiotu | | | 2024/2025 | | |
| 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 | | 5.0 | | 15.0 | 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_K04] ma świadomość potrzeby rozwiązywania problemów i wykonywania zadań, samodzielnego formułowania pytań służących rozwiązaniu postawionego problemu lub zadania; potrafi zaplanować wykonanie większego zadania przez podział na zadania cząstkowe i sporządzenie odpowiedniego harmonogramu | | Student potrafi przeanalizować postawiony przed nim problem i podzielić go na mniejsze i łatwiejsze do realizacji, zgodnie z określonym harmonogramem, zadania cząstkowe | | [SK3] Ocena umiejętności organizacji pracy | | |
| | [K7_U06] umie stosować metody statystyczne, rozwiązania informatyczne, w szczególności metody bioinformatyczne do projektowania eksperymentów i procesów technologicznych oraz rozwiązywania problemów z dziedziny biotechnologii, umie korzystać z biotechnologicznych baz danych | | Student wykorzystuje metody statystyczne i informatyczne do projektowania eksperymentów, analizy wyników oraz rozwiązywania problemów bioinformatycznych za pomocą samodzielnie przygotowanych skryptów. | | [SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi | | |
| | [K7_W04] ma uporządkowaną wiedzę dotyczącą zastosowania narzędzi informatycznych w biotechnologii i modelowaniu molekularnym biomolekuł | | Student ma wiedzę dotyczącą zastosowania narzędzi informatycznych w tym specjalistycznych bibliotek programistycznych w biotechnologii i modelowaniu molekularnym biomolekuł. | | [SW3] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym | | |

| | | | |
|---|---|--|-------------------------|
| 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 | Adresy na platformie eNauczanie: | |
| Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania | <p>Przygotowanie skryptu automatycznie analizującego strukturę zadanego białka i prezentującego wyniki w zwartej 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 | | |

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.