POLITECHNIKA GDAŃSKA

Karta przedmiotuuuu

Nazwa i kod przedmiotu	PODSTAWY BIOINFORMATYKI, PG_00063453		
Kierunek studiów	Biotechnologia		
Data rozpoczęcia studiów	październik 2025 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu	2025/2026
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	Wydziały Politechniki Gdańskiej -> 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

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

Adresy kursu na platformie eNauczanie:

Moodle ID: 47225 Podstawy bioinformatyki - 2026
https://enauczanie.pg.edu.pl/moodle/course/view.php?id=47225

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 zdobywana wiedzę do analizy konkretnych problemów bioinformatycznych.

Efekty uczenia się przedmiotu

Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
[K7_U05] proponuje rozwiązania problemów technologicznych i naukowych w biotechnologii i dziedzinach pokrewnych korzystając z metod eksperymentalnych oraz bioinformatycznych, statystycznych i specjalistycznych baz danych	Student proponuje rozwiązania problemów z zakresu biotechnologii i biologii molekularnej korzystając z wyników metod eksperymentalnych oraz zasobów bioinformatycznych, baz danych.	[SU4] Assessment of ability to use methods and tools
[K7_W04] dobiera metody analizy danych, w tym bioinformatyczne, statystyczne i modelowania molekularnego, przydatne do rozwiązywania problemów technologicznych i naukowych w biotechnologii i dziedzinach pokrewnych	Student dobiera odpowiednie do określonego problemu bioinformatyczne i statystyczne metody analizy danych oraz stosuje wybrane techniki modelowania molekularnego przydatne do rozwiązywania problemów z zakresu biotechnologii i biologii molekularnej.	[SW3] Assessment of knowledge contained in written work and projects
[K7_K02] ma świadomość potencjalnych zagrożeń i szans związanych z rozwojem nauki i technologii dla środowiska przyrodniczego i społeczeństwa	Student ma świadomość zarówno zagrożeń jaki i szans dla środowiska i społeczeństwa związanych z rozwojem nauki i technologii.	[SK5] Assessment of ability to solve problems that arise in practice

<table>
<tr><td>Treści przedmiotu</td><td colspan="3">Treści przedmiotu - wykład
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.</td></tr>
<tr><td>Wymagania wstępne i dodatkowe</td><td colspan="3"></td></tr>
<tr><td>Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się</td><td colspan="3"><table>
<tr><th>Sposób oceniania (składowe)</th><th>Próg zaliczeniowy</th><th>Składowa oceny końcowej</th></tr>
<tr><td>Projekt praktyczny</td><td>60.0%</td><td>50.0%</td></tr>
<tr><td>Kolokwium zaliczeniowe materiału wykładowego</td><td>60.0%</td><td>50.0%</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td rowspan="3">Zalecana lista lektur</td><td>Podstawowa lista lektur</td><td colspan="2">1) Materiały dydaktyczne udostępniane przez prowadzącego.
2) Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PG. Higgs, TK. Attwood, PWN, Warszawa 2008</td></tr>
<tr><td>Uzupełniająca lista lektur</td><td colspan="2">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</td></tr>
<tr><td>Adresy eZasobów</td><td colspan="2"></td></tr>
<tr><td>Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania</td><td colspan="3">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</td></tr>
<tr><td>Zajęcia praktyczne w ramach przedmiotu</td><td colspan="3">Nie dotyczy</td></tr>
</table>

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.