



Karta przedmiotu

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						
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_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] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi		
	[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] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym		
	[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] 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 trzyczłonowej białek.</p>		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Projekt praktyczny	60.0%	50.0%
	Kolokwium zaliczeniowe materiału wykładowego	60.0%	50.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	1) Materiały dydaktyczne udostępniane przez prowadzącego. 2) Bioinformatyka i ewolucja molekularna, P.G. Higgs, TK. Attwood, PWN, Warszawa 2008	
	Uzupełniająca lista lektur	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	
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	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		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.