

WYDZIAŁ CHEMICZNY				
KARTA PRZEDMIOTU				
Nazwa przedmiotu w języku polskim	Bioinformatyka			
Nazwa przedmiotu w języku angielskim	Bioinformatics			
Kierunek studiów (jeśli dotyczy):	Biotechnologia			
Specjalność (jeśli dotyczy):	Biotechnologia farmaceutyczna, Biotechnologia molekularna i biokataliza Biotechnologia środowiska			
Poziom i forma studiów:	II stopień, stacjonarna			
Rodzaj przedmiotu:	obowiązkowy			
Kod przedmiotu	BTC023006L			
Grupa kursów	NIE			
	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt
Liczba godzin zajęć zorganizowanych w Uczelni (ZZU)			30	
Liczba godzin całkowitego nakładu pracy studenta (CNPS)			60	
Forma zaliczenia			zaliczenie na ocenę	
Dla grupy kursów zaznaczyć kurs końcowy (X)				
Liczba punktów ECTS			2	
w tym liczba punktów odpowiadająca zajęciom o charakterze praktycznym (P)			2	
w tym liczba punktów ECTS odpowiadająca zajęciom wymagającym bezpośredniego kontaktu (BK)			1	
WYMAGANIA WSTĘPNE W ZAKRESIE WIEDZY, UMIEJĘTNOŚCI I KOMPETENCJI SPOŁECZNYCH				
1. Znajomość podstawowych pojęć i słownictwa biologii, biochemii i genetyki, 2. Umiejętność posługiwania się komputerem, w tym z linii komend, i korzystania z internetu 3. Bierna znajomość języka angielskiego (rozumienie tekstu pisanego)				
PRZEDMIOTOWE EFEKTY UCZENIA SIĘ				
Z zakresu umiejętności:				
PEK_U01 Umiejętność budowania złożonych zapytań w celu wyszukania specyficznych sekwencji, struktur, adnotacji oraz zadanej informacji genetycznej, biochemicznej i medycznej				
PEK_U02 Umiejętność wyszukiwania sekwencji podobnych i interpretacji homologii				
PEK_U03 Umiejętność liczenia, edycji i wykorzystywania dopasowań wielu sekwencji do rozpoznawania cech, funkcji struktury, filogenezy i innych analiz porównawczych				
PEK_U04 Umiejętność stworzenia modelu struktury na podstawie sekwencji białka				
Z zakresu kompetencji społecznych:				
PEK_K01 Umiejętność interpretacji, krytycznej oceny i komunikacji wyników analiz bioinformatycznych				
TREŚCI PROGRAMOWE				
Forma zajęć - laboratorium			Liczba godzin	
Lab1	Zajęcia organizacyjne: system oceny, wymagane oprogramowanie.			2

	Wprowadzenie do systemu Entrez i baz danych NCBI	
Lab2	Złożone zapytania. Dostępne bazy danych sekwencji, genów, genomów i pochodne. Różne składnie zapytań.	2
Lab3	Bazy danych UniprotKB, PDB, Brenda Enzymes oraz wybrane bazy związane z biochemią i medycyną.	2
Lab4	Zadanie indywidualne #1	2
Lab5	Wyszukiwanie sekwencji podobnych, różne wersje BLAST. Interpretacja wyników.	2
Lab6	Wyszukiwanie odległych homologów za pomocą profili podobieństwa.	2
Lab7	Zadanie indywidualne #2	2
Lab8	Obliczenia, analiza, weryfikacja i wizualizacja dopasowań wielu sekwencji	2
Lab9	Analiza filogenetyczna	2
Lab10	Analiza filogenetyczna	2
Lab11	Statystyczna ewaluacja wyników metodą bootstrap	2
Lab12	Zadanie indywidualne #3	2
Lab13	Przewidywanie struktury białka na podstawie sekwencji z wykorzystaniem wzorców	2
Lab14	Wizualizacja i ewaluacja modeli strukturalnych	2
Lab15	Zadanie indywidualne #4	2
	Suma godzin	30
STOSOWANE NARZĘDZIA DYDAKTYCZNE		
N1.	Wykład z prezentacją multimedialną	
N2.	Rozwiązywanie problemów	
N3.	Wykorzystanie specjalistycznego oprogramowania	
N4.	Przygotowanie raportów z wyników i analizy obliczeń	
OCENA OSIĄGNIĘCIA PRZEDMIOTOWYCH EFEKTÓW UCZENIA SIĘ		
Oceny (F – formująca (w trakcie semestru), P – podsumowująca (na koniec semestru))	Numer efektu uczenia się	Sposób oceny osiągnięcia efektu uczenia się
F1_Lab	PEK_U01+PEK_K01	Zadanie indywidualne #1
F2_Lab	PEK_U02+PEK_K01	Zadanie indywidualne #2
F3_Lab	PEK_U03+PEK_K01	Zadanie indywidualne #3
F4_Lab	PEK_U04+PEK_K01	Zadanie indywidualne #4
C_Lab	PEK_U01– PEK_U04+PEK_K01	F1_Lab+F2_Lab+F3_Lab+F4_Lab (Suma: 27 punktów) Punkty Ocena < 13,5 2,0 (niedostateczna) 13,5 - 15 3,0 (dostateczna) 15,5 - 18 3,5 (dostateczna plus) 18,5 - 21 4,0 (dobra) 21,5 - 24 4,5 (dobra plus) 24,5 - 27 5,0 (bardzo dobra)

LITERATURA PODSTAWOWA I UZUPEŁNIAJĄCA
--

Literatura PODSTAWOWA:

- | |
|--|
| [1] A.D Baxevanis, B.F.F. Ouellette, Bioinformatyka : podręcznik do analizy genów i białek
Tł. A.M. Cebrat, J. Leluk P. Mackiewicz, S. Banerjee-Basu; PWN 2005, ISBN 8301142111 |
|--|

Literatura UZUPEŁNIAJĄCA:

- | |
|---|
| [2] The National Center for Biotechnology Information (NCBI) Handbook:
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21101/ |
| [3] S.Q. Ye, Bioinformatics. A practical approach, Chapman & Hall/CRC, 2008 |
| [4] I. Eidhammer, I. Johanssen, W.R. Taylor, Protein Bioinformatics - an algorithmic approach to sequence and structure analysis, Wiley, 2004 |
| [5] P.E. Bourne & H. Weissig (ed.), Structural Bioinformatics, Wiley, 2003 |
| [6] http://www.ncbi.nlm.nih.gov/guide/training-tutorials/ |

OPIEKUN PRZEDMIOTU (IMIE, NAZWISKO, ADRES E-MAIL)
--

Paweł Kędzierski, Pawel.Kedzierski@pwr.edu.pl
--