

## Opis zajęć (syllabus)

Nazwa zajęć:	<b>Podstawy bioinformatyki</b>	<b>ECTS</b>	<b>4</b>
Information technologies	Basics of bioinformatics		
Zajęcia dla kierunku studiów:	Biotechnologia		

Język wykładowy:		Poziom studiów:	
Forma studiów: <input checked="" type="checkbox"/> stacjonarne <input type="checkbox"/> niestacjonarne	Status zajęć: <input checked="" type="checkbox"/> podstawowe <input type="checkbox"/> kierunkowe	<input checked="" type="checkbox"/> obowiązkowe <input type="checkbox"/> do wyboru	Numer semestru: 5 <input checked="" type="checkbox"/> semestr zimowy <input type="checkbox"/> semestr letni
Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik):		2022/2023	Numer katalogowy: <b>BT_BT-1S-5Z-36</b>

Koordynator zajęć:	<b>Prof. dr hab. Marcin Filipecki</b>		
Prowadzący zajęcia:	Prof. dr hab. Marcin Filipecki, Prof. dr hab. Grzegorz Bartoszewski		
Założenia, cele i opis zajęć:	<p>Celem nauczania przedmiotu „Podstawy bioinformatyki” jest przybliżenie podstawowych pojęć związanych, w głównej mierze, z analizą lawinowo przyrastających danych sekwencyjnych, strukturalnych i funkcjonalnych. Dane te są powszechnie dostępne rzeszom naukowców i podstawową obecnie umiejętnością każdego biotechnologa jest porównanie i analiza własnych wyników w kontekście innych danych o genomach (transkryptomach, proteomach, metabolomach). W ciągu ostatnich kilkunastu lat powstało wiele baz danych i wiele programów komputerowych pozwalających na korzystanie z wymienionych informacji. Biotechnolog powinien więc potrafić wybrać odpowiednie narzędzie bioinformatyczne, wykorzystać i należyście zinterpretować otrzymane wyniki.</p> <p><i>Tematyka zajęć: Czym jest i czym się zajmuje bioinformatyka, projekty sekwencjonowania genomów, organizmy modelowe, sekwencja - struktura - funkcja, instytuty bioinformatyczne, bioinformatyka a transkryptom, proteom, metabolom, podstawowe informacje z sekwencji. Biologiczne bazy danych, formaty danych, formularz zapytania. Porównywanie 2 sekwencji, podobieństwo aminokwasów, tablice podobieństw, współczynnik podobieństwa, poszukiwanie podobieństwa w bazach danych, algorytmy FASTA i BLAST, expect value.</i></p> <p><b>Sposoby odczytu i obróbki danych sekwencyjnych</b> (Edycja sekwencji przy użyciu programu Chromas: interpretacja chromatogramu, poszukiwanie motywu, "odcinanie" sekwencji wektorowych, zapisywanie sekwencji w różnych formatach, generowanie sekwencji komplementarnej i odwróconej. Sporządzanie mapy restrykcyjnej przy użyciu programu REMAP z pakietu EMBOSS. Znajdowanie ramek odczytu przy pomocy aplikacji z pakietu EMBOSS (PLOT ORF, SHOW ORF i GET ORF). Generowanie sekwencji białkowej w oparciu o sekwencje nukleotydową programem TRANSEQ z pakietu EMBOSS. <b>Podstawowe bazy danych sekwencji (DDBJ, EMBL, GenBank).</b> Efektywne posługiwanie się bazami, program ENTREZ. <b>Bazy danych sekwencji białkowych. Przeglądarki genomowe.</b> Docieranie do różnych źródeł informacji biologicznej poprzez server ExPASy, bazy danych: Swiss Prot, PROSITE. <b>Projektowanie starterów do PCR.</b> Zasady projektowania starterów, podstawowe i zaawansowane parametry, programy: OLIGO, eprimer3 (EMBOSS), PRIME (GCG). <b>Porównywanie sekwencji</b> i przeszukiwanie baz danych algorytmami lokalnymi BLAST i FASTA Parametry: gap penalty, gap extension penalty, word size, expect. Dobór tablicy podobieństwa. Udogodnienia (blastx, tblastx itd.)</p>		
Formy dydaktyczne, liczba godzin:	a) Ćwiczenia laboratoryjne ; liczba godzin 45;		
Metody dydaktyczne:	Ćwiczenia odbywają się w pracowni komputerowej, gdzie każdy student musi samodzielnie wykonać zaplanowane zadania. możliwość wykorzystywania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych		
Wymagania formalne i założenia wstępne:	Przedmioty wprowadzające i wymagania wstępne: genetyka, biologia molekularna, podstawowa obsługa komputera, obsługa przeglądarki internetowej Student posiada wiedzę z zakresu podstaw funkcjonowania genów, sposobów dziedziczenia cech, oraz teoretyczna znajomość podstawowych technik eksperymentalnych w biologii molekularnej.		
Efekty uczenia się:	treść efektu przypisanego do zajęć:	Odniesienie do efektu. kierunkowego	Siła dla ef. kier*
Wiedza: (absolwent zna i rozumie)	<b>W1</b>	wie i umiejętnie korzysta z podstawowych baz danych sekwencji biologicznych i literatury naukowej	K_W04 K_W05 K_W07 K_W13 3 3 3 3
Umiejętności: (absolwent potrafi)	<b>U1</b>	umiejętnie korzysta z podstawowych baz danych sekwencji biologicznych i literatury naukowej	K_U17 K_U15 K_U22 3 3 3
	<b>U2</b>	edytuje i opisuje nowo zsekwencjonowane cząsteczki kw. nukleinowego, jak i sekwencję kw. nukleinowego i białka z bazy danych, oraz projektuje startery do reakcji PCR	K_U15 K_U17 K_U22 3 3 3
	<b>U3</b>	wnioskuje o przypuszczalnej funkcji nieznannej sekwencji biologicznej na podstawie osobiście wykonanych porównań do innych sekwencji w bazach danych	K_U12 K_U17 K_U18 K_U22 3 3 3 3
Kompetencje: (absolwent jest gotów do)	<b>K1</b>	jest gotowy do rozwiązywania prostych problemów bioinformatycznych i pogłębiania wiedzy na podstawie baz danych	K_K01 1

Treści programowe zapewniające uzyskanie efektów uczenia się:	Pojęcia związane z analizą lawinowo przyrastających danych sekwencyjnych, strukturalnych i funkcjonalnych. Porównanie i analiza własnych wyników w kontekście innych danych o genomach (transkryptomach, proteomach, metabolomach). Bazy danych i programy komputerowe. Wykorzystanie odpowiednich narzędzi bioinformatycznych i interpretacja otrzymanych wyników..
Sposób weryfikacji efektów uczenia się:	zaliczenie - test z teorii i testy praktyczne,
Szczegóły dotyczące sposobów weryfikacji i form dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się:	Imienna lista ocen studentów, ocenione testy i zadania zaliczeniowe, możliwości wykorzystywania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych
Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową:	Test pisemny wykonanie zadań i skomentowanie wyników
Miejsce realizacji zajęć:	Pracownia bioinformatyczna
Literatura podstawowa i uzupełniająca: Adresy wykorzystywanych aplikacji i dokumentacja na ich temat dostępne poprzez stronę: <a href="http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/filipecki_links.htm">http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/filipecki_links.htm</a> ; Materiały pomocnicze opracowane przez prowadzących dostępne na stronach: <a href="http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/bioinformatyka.htm">http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/bioinformatyka.htm</a> <a href="http://grzegorz_bartoszewski.users.sggw.pl/">http://grzegorz_bartoszewski.users.sggw.pl/</a> ; Baxevanis AD, Ouellette BFF (red.) „Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek.” (2004) PWN; Biotechnologia roślin 2009, wydanie nowe, pod red. S. Malepszego, Wydawnictwo Naukowe PWN	
UWAGI Do wyliczenia oceny końcowej stosowana jest następująca skala: 100-91% pkt - 5,0; 90-81% pkt - 4,5; 80-71% pkt - 4,0; 70-61% pkt - 3,5; 60-51% pkt - 3,0	

\*) 3 – zaawansowany i szczegółowy, 2 – znaczący, 1 – podstawowy.

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot:

Szacunkowa sumaryczna liczba godzin pracy studenta (kontaktowych i pracy własnej) niezbędna dla osiągnięcia zakładanych dla zajęć efektów uczenia się - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS:	<b>99 h</b>
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia:	<b>1,8 ECTS</b>

