

Opis zajęć (sylabus)

Nazwa zajęć:	Bioinformatyka	ECTS	3
Nazwa zajęć w j. angielskim:	Bioinformatics		
Zajęcia dla kierunku studiów:	Technologia Biomedyczna		

Język wykładowy: polski		Poziom studiów: 1	
Forma studiów: <input checked="" type="checkbox"/> stacjonarne <input type="checkbox"/> niestacjonarne	Status zajęć: <input checked="" type="checkbox"/> podstawowe <input checked="" type="checkbox"/> obowiązkowe <input type="checkbox"/> kierunkowe <input type="checkbox"/> do wyboru	Numer semestru: 4	<input type="checkbox"/> semestr zimowy <input checked="" type="checkbox"/> semestr letni
Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik):		2022/2023	Numer katalogowy:

Koordynator zajęć:	dr hab. Małgorzata Dudkiewicz			
Prowadzący zajęcia:	dr hab. Małgorzata Dudkiewicz			
Założenia, cele i opis zajęć:	<p>Bioinformatyka jest niezbędnym narzędziem współczesnej biologii molekularnej i biologii ogólnie. Celem tego przedmiotu jest zapoznanie studenta nowoczesnymi narzędziami wyszukiwania i analizy informacji biologicznych. Literaturowe bazy danych -PubMed.</p> <p>Organizacja i zasady korzystania z publicznych biologicznych baz danych, sposoby poszukiwania informacji, korzystania z różnych formatów plików, operowanie dużymi plikami danych.</p> <p>Korzystanie z ontologii biomedycznych (Mesh).</p> <p>Analizy sekwencji biologicznych, narzędzia do porównywania i dopasowywania sekwencji, edycji MSA oraz sekwencyjnego przeszukiwania baz danych.</p> <p>Analizy filogenetyczne, podstawowe modele ewolucji, interpretacja drzew filogenetycznych.</p> <p>Ukryte modele Markowa (HMM) i inne metody poszukiwania odległych homologii.</p> <p>Przewidywanie struktur białek- przewidywanie domen strukturalnych, topologii transmembranowej białka, modyfikacji potranslacyjnych.</p> <p>Metody wizualizacji, analizy i modelowania struktur białkowych – analiza miejsca aktywnego, analiza powierzchni wiązania receptor-ligand, strukturalne dopasowywanie podjednostek, minimalizacja energii</p> <p>Modelowanie homologiczne struktur białkowych, a metody oparte na AI.</p>			
Formy dydaktyczne, liczba godzin:	<p>a) W – wykład; liczba godzin 15;</p> <p>b) LC - ćwiczenia laboratoryjne- komputerowe; liczba godzin 30;</p>			
Metody dydaktyczne:	rozwiązywanie problemów biologicznych metodami obliczeniowymi, doświadczenia obliczeniowe, dyskusja, konsultacje			
Wymagania formalne i założenia wstępne:	Zaliczenie przedmiotów Technologię informacyjne, Genetyka klasyczna i molekularna, Statystyka, podstawowa znajomość biologii molekularnej, chemii organicznej oraz genetyki. Podstawowa znajomość matematyki i statystyki.			
Efekty uczenia się:	treść efektu przypisanego do zajęć:	Odniesienie do efektu. kierunkowego	Siła dla ef. kier*	
Wiedza: (absolwent zna i rozumie)	W1	Zna i rozumie najczęściej stosowane metody bioinformatyczne	K_W01 K_W02 K_W03	1 3 3
	W2	Zna i rozumie zasady funkcjonowania biologicznych baz danych	K_W01 K_W02 K_W03	1 3 3
Umiejętności: (absolwent potrafi)	U1	Sprawnie korzysta z biologicznych baz danych,	K_U01 K_U02 K_U03 K_U05 K_U06 K_U07, K_U08, K_U11	1 2 3 2 3 2 2 2
	U2	Postępuje się bazami danych biologicznej literatury naukowej	K_U02	1
	U3	Postępuje się programami do wizualizacji i analiz sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych	K_U01 K_U02 K_U03 K_U05 K_U06 K_U07 K_U08	1 2 3 2 3 2 2
Kompetencje: (absolwent jest gotów do)	K1	Potrafi wybrać odpowiednie narzędzia bioinformatyczne do realizacji zadania.	K_K01	3

Treści programowe zapewniające uzyskanie efektów uczenia się:	Celem tego przedmiotu jest nauczenie studenta korzystania z nowoczesnych narzędzi wyszukiwania i analizy informacji biologicznych, w tym analizy sekwencji DNA.
Sposób weryfikacji efektów uczenia się:	Zaliczenie: Kolokwium sprawdzające wiedzę teoretyczną (W), Kolokwium praktyczne – rozwiązywanie problemów bioinformatycznych (CW)
Szczegóły dotyczące sposobów weryfikacji i form dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się :	Karty (lub wydruki plików) kolokwiów (teoretycznego i praktycznego) z ocenami
Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową:	Kolokwium sprawdzające wiedzę teoretyczną: 50%, kolokwium praktyczne – rozwiązywanie problemów bioinformatycznych: 50%
Miejsce realizacji zajęć:	sala dydaktyczna, pracownia komputerowa P/07 b.37
Literatura podstawowa i uzupełniająca: 1. Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek A.D. Baxevanis, B.F. Ouellette PWN, 2005 2. Bioinformatyka i ewolucja molekularna Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood PWN, 2012 3. Wprowadzenie do bioinformatyki. A. Lesk, PWN 2019 4. Genomy. T.A. Brown.PWN, Wyd.3, 2019 5. Bioinformatics for Beginners. S. Choudhuri. Academic Press,2014 6. Bioinformatics and Functional Genomics, 3rd Edition. J. Pevsner. Wiley,2015 7. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis 2nd Edition. D.W. Mount. CBS, 2005 7. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books	
UWAGI	

*) 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:	75 h
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia:	1,8 ECTS