

## Opis zajęć (syllabus)

Nazwa zajęć:	Bioinformatyka	ECTS	4
Nazwa zajęć w j. angielskim:	Bioinformatics		
Zajęcia dla kierunku studiów:	<b>Biologia</b>		

Język wykładowy:	polski	Poziom studiów:2	
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: 2	<input type="checkbox"/> semestr zimowy <input checked="" type="checkbox"/> semestr letni
Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik):		2022/23	Numer katalogowy:

Koordynator zajęć:	<b>dr hab. Małgorzata Dudkiewicz</b>			
Prowadzący zajęcia:	<b>dr hab. Małgorzata Dudkiewicz</b>			
Założenia, cele i opis zajęć:	<p>Bioinformatyka jest niezbędnym narzędziem, którym powinien umieć się posługiwać współczesny biolog. Celem tego przedmiotu jest nauczenie studenta korzystania z nowoczesnych narzędzi wyszukiwania i analizy informacji biologicznych.</p> <p>Po zapoznaniu się z bazami danych biologicznych i podstawowymi narzędziami dopasowania sekwencji i analizy filogenetycznej na zajęciach w trakcie studiów licencjackich student zapozna się z:</p> <p>metodami analizy odległych homologii, modelami HMM, zasadami łączenia białek w rodziny, bazami Pfam, UniProt, JGI,</p> <p>metodami przewidywania właściwości, funkcji i struktur białek- identyfikacja domen strukturalnych, przewidywanie topologii transmembranowej białka, modyfikacji potranslacyjnych.</p> <p>metodami wizualizacji, analizy i modelowania struktur białkowych – analiza miejsca aktywnego, analiza powierzchni wiązania receptor-ligand, strukturalne dopasowywanie podjednostek, minimalizacja energii</p> <p>analizą genomu, wielkoskalowymi technikami badania ekspresji genu, narzędziami obliczeniowymi służącymi do analizy ekspresji genów.</p> <p>narzędziami biologii systemowej, bazami danych relacji między obiektami biologicznymi, pozna podstawy pisania prostych skryptów pomagających w analizie dużych plików w języku Perl.</p>			
Formy dydaktyczne, liczba godzin:	<p>a) wykład; liczba godzin 15;</p> <p>b) ćwiczenia laboratoryjne (komputerowe); liczba godzin 30;</p>			
Metody dydaktyczne:	rozwiązywanie problemów biologicznych metodami obliczeniowymi, doświadczenia obliczeniowe, dyskusja, konsultacje, wykład z wykorzystaniem prezentacji audiowizualnej			
Wymagania formalne i założenia wstępne:	Zaliczenie przedmiotów Technologie informacyjne i Wstęp do bioinformatyki, genetyka, 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 główne zagadnienia z zakresu technik bioinformatycznych wykorzystywanych w badaniach przyrodniczych.	K_W01	1
	W2	Rozumie znaczenie metod matematycznych, statystycznych i bioinformatycznych w opisywaniu i interpretowaniu zjawisk i procesów przyrodniczych.	K_W03 K_W04	1 1
	W3			
	W4			
Umiejętności: (absolwent potrafi)	U1	Wykorzystuje w krytyczny sposób i analizuje dostępne informacje ze źródeł elektronicznych z zakresu nauk przyrodniczych, w języku angielskim i polskim.	K_U02 K_U04	2 2
	U2	Umie stosować zaawansowane metody bioinformatyczne do opisu zjawisk i analizy danych biologicznych.	K_U01 K_U02 K_U04 K_U06	2 2 1 1

	U3			
Kompetencje: (absolwent jest gotów do)	K1	Jest gotów do wykorzystania wiedzy i umiejętności z dziedziny bioinformatyki, krytycznie je oceniając, do aktualizowania wiedzy biologicznej oraz stałej weryfikacji posiadanej wiedzy i krytycznego korzystania z fachowych narzędzi.	K_K01 K_K03	1 1
	K2			
Treści programowe zapewniające uzyskanie efektów uczenia się:		Korzystanie z nowoczesnych narzędzi wyszukiwania i analizy informacji biologicznych. Bazy danych wiedzy biologicznej. Systemy Entrez/PubMed i Uniprot. Organizacja i zasady korzystania z publicznych biologicznych baz danych, sposoby poszukiwania informacji. Korzystanie z ontologii biomedycznych (Mesh, GeneOntology). Proteomiczne i transkryptomyczne bazy danych ekspresji, bazy danych zależności, oddziaływań, ścieżek sygnałowych. Podstawowe i zaawansowane analizy sekwencji biologicznych, narzędzia do porównywania i dopasowywania sekwencji oraz sekwencyjnego przeszukiwania baz danych. Analizy filogenetyczne, podstawowe zasady modeli filogenetycznych, interpretacja drzew filogenetycznych. Struktury białek–fizyka i chemia. Metody wizualizacji, analizy i modelowania struktur białkowych – analiza miejsca aktywnego, analiza powierzchni wiązania receptor-ligand, strukturalne dopasowywanie podjednostek, przewidywanie struktury. Analiza genomu, wielkoskalowe techniki badania ekspresji genów i białek, narzędzia obliczeniowe służące do analizy ekspresji genów. Wykorzystanie narzędzi biologii systemowej, bazy danych relacji między obiektami biologicznymi.		
Sposób weryfikacji efektów uczenia się:		Test komputerowy, kolokwium na zajęciach ćwiczeniowych.		
Szczegóły dotyczące sposobów weryfikacji i form dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się:		Karty 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 (wykładowa), laboratorium komputerowe Katedry Biochemii i Mikrobiologii SGGW		
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. Genomy, T.A Brown, PWN, 2019				
4. <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books</a>				
4. <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed</a>				
UWAGI inne godziny kontaktowe nie ujęte w pensum (konsultacje, egzaminy, przygotowanie kolokwiów), liczba godzin 15h				

\*) 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>95 h</b>
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia:	<b>2 ECTS</b>