

SYLABUS PRZEDMIOTU

1.	Nazwa przedmiotu w języku polskim oraz języku angielskim Bioinformatyka i bazy danych Bioinformatics and data bases
2.	Dyscyplina naukowa Nauki medyczne Inżynieria biomedyczna
3.	Język wykładowy język polski
4.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
5.	Rodzaj przedmiotu do wyboru (wybór ograniczony: Bioinformatyka i bazy danych lub Bioinformatyka z modelowaniem białek)
6.	Kierunek studiów Biotechnologia
7.	Poziom studiów I stopień
8.	Rok studiów II rok
9.	Semestr semestr zimowy
10.	Forma zajęć i liczba godzin wykład, 15 godzin ćwiczenia komputerowe, 30 godzin
11.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu podstawowa umiejętność obsługi komputera
12.	Cele kształcenia dla przedmiotu Głównym celem zajęć jest: poznanie teoretycznych i praktycznych podstaw różnych analiz

	bioinformatycznych sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych
13.	Treści programowe wykładów i ćwiczeń: • podstawowe terminy związane z bioinformatyką; • przedmiot i poziomy analiz bioinformatyki, genomiki, transkryptomiki i proteomiki; • rodzaje baz danych; podstawowe bazy sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych: Baza NCBI, GenBank, EMBL, UniProt; • wyszukiwanie informacji zawartych w bazach literaturowych, bazach sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych; • podstawowe analizy bioinformatyczne sekwencji nukleotydowych: analiza składu, określanie używalności kodonów; • komputerowe identyfikowanie sekwencji kodujących białko: poszukiwanie otwartych ramek odczytu, poszukiwanie genów u Prokaryota i Eukaryota, metody rozpoznawania genów na podstawie składu, sygnałów, podobieństwa do innych sekwencji; • zintegrowane metody poszukiwania genów (analiza dyskryminacyjna, programowanie dynamiczne, sieci neuronowe, łańcuchy Markowa); • komputerowe analizy sekwencji RNA, przewidywanie struktury drugorzędowej; • przyrównanie (dopasowanie) par sekwencji – alignment: definicja, zastosowanie, rodzaje metod (macierz punktów, programowanie dynamiczne – przyrównanie lokalne i globalne), systemy punktacji (macierze aminokwasowe PAM i BLOSUM, kary dla przerw), ocena istotności przyrównania, przykłady programów; • przyrównanie wielu sekwencji: definicja, zastosowanie, etapy postępowania, rodzaje algorytmów i programów, progresywne przyrównanie globalne, edytowanie przyrównania. • poszukiwanie sekwencji podobnych w bazach danych (podstawowa terminologia i cele, sposoby poszukiwań, rodzaje programów i algorytmów (FASTA, BLAST), kryteria i istotność podobieństwa sekwencji, rodzaje programów z rodziny BLAST i ich opcje, np. MegaBLAST, PSI-BLAST, PHI-BLAST); • motywy i wzory w sekwencjach: sposoby ich wyrażania (konsensus, wyrażenia regularne, bloki, profile, logo); • komputerowa analiza sekwencji białkowych: analiza podstawowych właściwości fizykochemicznych białka, komputerowe trawienie białka, poszukiwanie regionów transbłonowych, modyfikacje potranslacyjne białek, określanie lokalizacji subkomórkowej białek, poszukiwanie motywów i domen, określanie struktury drugorzędowej i trzeciorzędowej białka;

	bazy struktur przestrzennych (PDB), przyrównanie strukturalne, metody przewidywania struktur przestrzennych, klasyfikacja strukturalna białek, programy do oglądania struktur przestrzennych.	
14.	Zakładane efekty uczenia się Student: - zna podstawowe i specjalistyczne bazy danych dotyczące genów, białek i genomów; - zna i rozumie teoretyczne i praktyczne podstawy analiz bioinformatycznych na różnych poziomach organizacji informacji biologicznej: DNA, RNA i białek oraz genomów; - wie jak zastosować bazy danych i narzędzia bioinformatyczne do opisywania i interpretowania zjawisk oraz procesów biologicznych oraz przy planowaniu i interpretowaniu eksperymentów; - przeszukuje odpowiednie bazy danych i stosuje odpowiednie oprogramowanie bioinformatyczne do rozwiązywania konkretnych problemów i zadań związanych z analizą danych biologicznych na poziomie nukleotydów i aminokwasów, a także na poziomie genomowym; - potrafi zaplanować analizy bioinformatyczne i dobrać odpowiednie programy do postawionego problemu; - jest chętny do poszerzania swojej wiedzy przez poszukiwanie dodatkowych narzędzi bioinformatycznych w Internecie oraz jest świadomy potrzeby ciągłego aktualizowania wiedzy w szybko rozwijającej się dziedzinie bioinformatyki.	Symbole odpowiednich kierunkowych efektów uczenia się: K1_W02, K1_W07 K1_W03, K1_W07 K1_U06 K1_U06 K1_U08
15.	Literatura zalecana: - Lesk A, Wprowadzenie do bioinformatyki, PWN - Xiong J, Podstawy bioinformatyki, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego - Baxevanis AD, Ouellette BFF (red.) Bioinformatyka – podręcznik do analizy genów i białek, PWN	

16.	Metody weryfikacji zakładanych efektów uczenia się: • ćwiczenia: częściowe zaliczenia pisemne (testy na komputerze weryfikujące praktyczną wiedzę na temat analiz bioinformatycznych z poszczególnych zagadnień); • wykład: egzamin pisemny (test na komputerze weryfikujący teoretyczną i praktyczną wiedzę bioinformatyczną) (warunkiem przystąpienia do egzaminu jest uzyskanie oceny pozytywnej z ćwiczeń).	
17.	Warunki i forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu: • uzyskanie ocen pozytywnych z ćwiczeń i egzaminu	
	Nakład pracy studenta wyrażony w godzinach zajęć oraz punktach ECTS	liczba godzin przeznaczona na zrealizowanie danego rodzaju zajęć
	zajęcia (wg planu studiów) z prowadzącym: • wykład • ćwiczenia komputerowe	15 godzin 30 godzin
	praca własna studenta (w tym udział w pracach grupowych): • przygotowanie do zajęć i zadań praktycznych • konsultacje • przygotowanie do egzaminu	50 godzin
	Łączna liczba godzin zajęć	95 godzin
	Liczba punktów ECTS	4 ECTS