

SYLABUS PRZEDMIOTU

1.	Nazwa przedmiotu w języku polskim oraz języku angielskim Bioinformatyka z modelowaniem białek Bioinformatics and protein modeling
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: • zapoznanie studentów z teoretycznymi i praktycznymi aspektami zastosowania metod obliczeniowych w analizie, przetwarzaniu oraz

	udostępnianiu danych biologicznych.	
13.	Treści programowe wykład: • gromadzenie, analiza oraz przetwarzanie informacji; • budowa i rodzaje baz danych, wykorzystanie informacji pochodzących z baz danych; • porównywanie sekwencji nukleotydowych i białkowych, homologia, podobieństwo, matryce podobieństwa, tok postępowania przy analizie sekwencji; • algorytmy oraz programy do analiz i uwspólniania sekwencji (alignment); • analiza strukturalna makrocząsteczek; • przewidywanie struktur drugo- oraz trzeciorzędowych białek; modelowanie białek; • podstawy dynamiki molekularnej, sieci neuronowych oraz algorytmów genetycznych; • integracja metod przewidywania struktury i funkcji białek; • metody projektowania białek lub peptydów o pożądanym własnościach oraz niskocząsteczkowych ligandów oddziałujących z makrocząsteczkami. • analiza miejsc oddziaływania oraz przewidywanie oddziaływań międzycząsteczkowych. ćw. komputerowe: • zapoznanie z bazami danych (PubMed, UniProt, PDB) oraz z narzędziami i algorytmami do porównywania sekwencji (BLAST, ClustalW); • tok postępowania przy analizie sekwencji i jej uwspólnianiu (alignmment); • obrazowanie oraz analiza struktur białek i kwasów nukleinowych, wykrywanie wiązań stabilizujących struktury oraz oddziaływania międzycząsteczkowe; • modelowanie struktury białka, planowanie mutacji zmieniających właściwości białek lub peptydów; • przewidywanie miejsc modyfikacji potranslacyjnych, podstawowe zagadnienia dotyczące manipulacji sekwencjami DNA - klonowanie, analiza sekwencji nukleotydowej i aminokwasowej za pomocą dostępnych programów i algorytmów.	
14.	Zakładane efekty uczenia się Student: • zna rodzaje baz danych oraz podstawowe narzędzia i oprogramowanie bioinformatyczne pozwalające na opisywanie i interpretowanie zjawisk oraz	Symbole odpowiednich kierunkowych efektów uczenia się: K1_W02, K1_W07

	procesów biologicznych; • wie jak korzystać z zasobów baz danych i narzędzi bioinformatycznych 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 genomycznym; • potrafi wykonywać podstawowe analizy sekwencji i struktur kwasów nukleinowych i białek, obrazować struktury przestrzenne makrocząsteczek, znajdować miejsca modyfikacji potranslacyjnej oraz przewidywać efekty podstawień aminokwasowych; • dokonuje syntezy informacji pochodzących z różnych analiz bioinformatycznych.	K1_W03, K1_W07 K1_U06 K1_U06 K1_U08
15.	Literatura zalecana: • Claverie JM., Notredame C., Bioinformatics For Dummies, For Dummies; • Lask A., Wprowadzenie do bioinformatyki, PWN; • Xiong J., Essential Bioinformatics, Cambridge University Press.	
16.	Metody weryfikacji zakładanych efektów uczenia się: • ćwiczenia: częściowe zaliczenia pisemne praktyczne (zdobytą wiedzę oraz umiejętności, studenci wykazują podczas samodzielnej pracy przy komputerze); • wykład: egzamin pisemny (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	15 godzin

	• ćwiczenia komputerowe	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