

Nazwa przedmiotu Wstęp do bioinformatyki		Kod ECTS 13.1.0038					
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot Katedra Biologii Molekularnej							
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących) dr Beata Guzow-Krzemińska							
Studia							
wydział	kierunek	stopień	tryb	specjalność	specjalizacja	semestr	
Wydział Biologii	Biologia	pierwszego stopnia	stacjonarne	wszystkie	wszystkie	6	
Wydział Biologii	Przyroda	pierwszego stopnia	stacjonarne	wszystkie	wszystkie	6	
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin			Liczba punktów ECTS				
Formy zajęć Ćw. audytoryjne			2		Ćwiczenia w laboratorium komputerowym: 30 godzin.		
Sposób realizacji zajęć zajęcia on-line, zajęcia w sali dydaktycznej					Praca samodzielna studenta - przygotowanie projektu i prezentacji: 6 godzin		
Liczba godzin Ćw. audytoryjne: 30 godz.					Zaliczenie: 2 godziny Przygotowanie do zaliczenia, zapoznanie z literaturą: 12 godzin		
			Razem: 50 godzin				
Cykl dydaktyczny 2014/2015 letni							
Status przedmiotu fakultatywny (do wyboru)		Język wykładowy polski					
Metody dydaktyczne - wykład z prezentacją multimedialną - ćwiczenia audytoryjne - metoda projektów (projekt badawczy, wdrożeniowy, praktyczny) - ćwiczenia audytoryjne - praca w grupach - ćwiczenia audytoryjne - rozwiązywanie zadań		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne					
		Sposób zaliczenia Zaliczenie na ocenę					
		Formy zaliczenia - ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru - wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja - kolokwium					
		Podstawowe kryteria oceny Warunkiem zaliczenia przedmiotu jest: • zaliczenie kolokwiów obejmujących znajomość baz danych biologicznych oraz analizę sekwencji cząsteczek biologicznych (50%) • wykonanie pracy projektowej oraz jej prezentacja (40%) • praca na zajęciach (10%)					
Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi							
A. Wymagania formalne Biologia molekularna z biotechnologią albo Biologia molekularna z genetyką Technologie informacyjne							
B. Wymagania wstępne Znajomość technologii informacyjnych. Umiejętność pracy z komputerem, w tym pakietem MS Office. Znajomość podstaw biologii molekularnej, podstawowych mechanizmów na poziomie molekularnym oraz podstawowych typów makrocząsteczek biologicznych. Co najmniej podstawowa znajomość języka angielskiego.							
Cele kształcenia Zapoznanie studentów z zasadami BHP i ergonomii pracy przy komputerze. Zapoznanie studentów z podstawowymi narzędziami bioinformatycznymi oraz metodami analizy sekwencji. Przygotowanie studentów do korzystania z nowoczesnych narzędzi bioinformatycznych. Nabywanie umiejętności pozyskiwania danych biologicznych z baz danych oraz analizy tych danych.							

Treści programowe Omawiane zagadnienia obejmują następujące treści: zasady BHP i ergonomia pracy przy komputerze; wprowadzenie do baz danych; pozyskiwanie i przetwarzanie informacji biologicznych z wykorzystaniem baz danych biologicznych i biomedycznych - sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, struktur cząsteczek biologicznych, literatury; wprowadzenie do metod analizy sekwencji; przegląd podstawowych narzędzi bioinformatycznych: odczyt i analiza chromatogramów, porównywanie sekwencji, projektowanie starterów, porządkowanie sekwencji, analiza filogenetyczna, wyszukiwanie i wizualizacja struktur trzyczłonowych cząsteczek biologicznych; klonowanie in silico.	
Wykaz literatury Wykaz literatury podstawowej: <ul style="list-style-type: none"> • Baxevanis A.D., Ouellette B.F. (red.) (2005) Bioinformatyka - podręcznik do analizy genów i białek. PWN, ISBN 83-01-14211-1 • Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood (2008) Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, ISBN: 978-83-01-15494-3 • Autorskie instrukcje do ćwiczeń. Wykaz literatury uzupełniającej <ul style="list-style-type: none"> • http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/bv.fcgi?rid=handbook.TOC&depth=2 • http://www.ncbi.nlm.nih.gov/staff/tao/URLAPI/ • http://www.clustal.org/ • http://www.rasmol.org/software/RasMol_Latest_Manual.html • Literatura dodatkowa podawana na bieżąco 	
Efekty uczenia się Efekty z obszaru nauk przyrodniczych: P1A_W05, P1A_W04, P1A_W06, P1A_W07, P1A_W09, P1A_U01, P1A_U05, P1A_U02, P1A_U03, P1A_U08, P1A_K02. Efekty dla kierunku Biologia: B_W10, B_W12, B_W14, B_W17, B_U01, B_U04, B_U07, B_U13, B_K03.	Wiedza Student opisuje budowę i właściwości podstawowych makrocząsteczek biologicznych. Student orientuje się w rozwoju i obecnym stanie wiedzy w zakresie bioinformatyki. Student ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi bioinformatycznych. Student zna i rozumie znaczenie podstawowych narzędzi bioinformatycznych w analizie i interpretacji danych molekularnych. Student zna podstawowe zasady BHP i ergonomii pracy przy komputerze.
	Umiejętności Student potrafi korzystać z baz danych biologicznych, wyszukuje dane i pozyskuje je. Student stosuje podstawowe narzędzia bioinformatyczne do analizy danych biologicznych. Student potrafi przeanalizować sekwencje cząsteczek biologicznych in silico, potrafi zidentyfikować sekwencje homologiczne. Student wykonuje proste zadania badawcze pod kierunkiem opiekuna. Student samodzielnie i w grupie korzysta z dostępnych źródeł i wykorzystuje je w pracy. Student czyta proste teksty naukowe w języku angielskim. Student potrafi przygotować projekt badawczy i prezentuje wyniki projektu.
	Kompetencje społeczne (postawy) Student rozumie potrzebę samodzielnego uczenia się i podnoszenia kompetencji. Student potrafi współpracować w grupie. Student jest odpowiedzialny za powierzony sprzęt i własną pracę.
Kontakt beatagk@biotech.ug.gda.pl	