



KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY



Nazwa przedmiotu			Kod ECTS
Wstęp do bioinformatyki			13.0.0091
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Biologii Molekularnej			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia
Wydział Biologii	Biologia medyczna	forma	stacjonarne
		moduł	neurobiologia, diagnostyka molekularno-biochemiczna
		specjalnościowy	
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
dr Beata Guzow-Krzemińska			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		3	
Ćw. laboratoryjne		Ćwiczenia w laboratorium komputerowym: 30 godzin.	
Sposób realizacji zajęć		Konsultacje: 2 godziny	
zajęcia on-line, zajęcia w sali dydaktycznej		Zaliczenie: 2 godziny	
Liczba godzin		Praca samodzielna studenta - przygotowanie projektu i prezentacji: 16 godzin	
Ćw. laboratoryjne: 30 godz.		Przygotowanie do kolokwium, zapoznanie z literaturą:	
		25 godzin	
		Razem: 75 godzin	
Cykl dydaktyczny			
2016/2017 zimowy			
Status przedmiotu		Język wykładowy	
obowiązkowy		polski	
Metody dydaktyczne		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne	
<ul style="list-style-type: none">- prezentowanie wyników analizy- wykład z prezentacją multimedialną- ćwiczenia audytoryjne - praca w grupach- ćwiczenia audytoryjne - rozwiązywanie zadań- ćwiczenia laboratoryjne - projektowanie doświadczeń		Sposób zaliczenia	
		Zaliczenie na ocenę	
		Formy zaliczenia	
		<ul style="list-style-type: none">- 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 (wszystkie elementy muszą być zaliczone pozytywnie - Ocena wystawiona wg wskaźnika procentowego zgodnie z „Regulaminem studiów UG”):	
		<ul style="list-style-type: none">• zaliczenie kolokwium obejmujących znajomość baz danych biologicznych oraz analizę sekwencji cząsteczek biologicznych (50%)• wykonanie pracy projektowej oraz prezentacja (40%)• praca na zajęciach (10%)	
Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia			
Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi			
A. Wymagania formalne			
<ul style="list-style-type: none">• Biologia molekularna z biotechnologią			

- 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 ergonomii 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

A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):

- 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.

B. Literatura uzupełniająca

- <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 kształcenia (obszarowe i kierunkowe)

Efekty z obszaru nauk przyrodniczych:

P1A_W02, P1A_W06, P1A_U05, P1A_K02, P1A_K03, P1A_K06

Efekty z obszaru nauk medycznych, nauk o zdrowiu oraz nauk o kulturze fizycznej:

M1_U08, M1_K04, M1_K05, M1_K07

Efekty dla kierunku Biologia medyczna:

BM_W13, BM_W14, BM1_U04, BM1_U14, BM1_K02, BM_K03

Wiedza

P1A_W02, P1A_W06; BM_W13 Student ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi bioinformatycznych i rozumie ich znaczenie w analizie danych molekularnych.

BM1_W14 Student zna i opisuje zasady wykorzystania narzędzi bioinformatycznych do analizy danych i interpretacji zjawisk i procesów biologicznych.

Umiejętności

P1A_U05; BM1_U04 Student stosuje podstawowe narzędzia bioinformatyczne do analizy danych biologicznych.

M1_U08; BM1_U14 Student potrafi przeanalizować sekwencje cząsteczek biologicznych oraz potrafi interpretować wyniki prostych analiz bioinformatycznych.

Kompetencje społeczne (postawy)

P1A_K02, M1_K04 oraz P1A_K03, M1_K05; BM_K02 Student potrafi pracować w małej grupie nad otrzymanym zadaniem.

P1A_K06 oraz M1_K07; BM_K03 Student jest odpowiedzialny za bezpieczeństwo pracy własnej i innych oraz potrafi rozpoznać sytuacje zagrożenia i podejmować odpowiednie działania.

Kontakt

beata.guzow@biol.ug.edu.pl