



**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		13.1.0419	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Biologii Molekularnej			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia
Wydział Biologii	Biologia	forma	stacjonarne
		moduł	wszystkie
		specjalnościowy	wszystkie
		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		2	
Ćw. laboratoryjne		Ćwiczenia w laboratorium komputerowym: 30 godzin.	
Sposób realizacji zajęć		Praca samodzielna studenta - przygotowanie projektu i prezentacji: 6 godzin	
zajęcia on-line, zajęcia w sali dydaktycznej		Zaliczenie: 2 godziny	
Liczba godzin		Przygotowanie do zaliczenia, zapoznanie z literaturą: 12 godzin	
Ćw. laboratoryjne: 30 godz.		Razem: 50 godzin	
Cykl dydaktyczny			
2017/2018 letni			
Status przedmiotu		Język wykładowy	
fakultatywny (do wyboru)		polski	
Metody dydaktyczne		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne	
ćwiczenia laboratoryjne - projektowanie doświadczeń		Sposób zaliczenia	
		Zaliczenie na ocenę	
		Formy zaliczenia	
		- wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja	
		- ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru	
		- kolokwium	
		Podstawowe kryteria oceny	
		Warunkiem zaliczenia przedmiotu jest:	
		• zaliczenie kolokwium obejmujących znajomość baz danych biologicznych oraz analizę sekwencji cząsteczek biologicznych (50% oceny)	
		• wykonanie pracy projektowej oraz jej prezentacja (35% oceny)	
		• praca na zajęciach (15% oceny)	
Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia			

zakładany efekt kształcenia	ćwiczenia laboratoryjne - projektowanie doświadczeń
	Wiedza
B_W11	kolokwium, raport z projektu, prezentacja, quiz, zadania
B_W12	kolokwium, raport z projektu, prezentacja, quiz, zadania
	Umiejętności
B_U04	kolokwium, raport z projektu, prezentacja, quiz, zadania
	Kompetencje
B_K03	raport grupowy z projektu, prezentacja grupowa

**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 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**

Wykaz literatury podstawowej:

- 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

- <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](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\_W07, P1A\_W09, P1A\_U05, P1A\_K02.  
Efekty dla kierunku Biologia: B\_W11, B\_W12, B\_U04, B\_K03.

**Wiedza**

P1A\_W02, P1A\_W06; B\_W11 Student ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi bioinformatycznych i rozumie ich znaczenie w analizie danych molekularnych.

P1A\_W02, P1A\_W06; B\_W12 Student zna i rozumie znaczenie podstawowych narzędzi bioinformatycznych do analizy i interpretacji danych molekularnych.

**Umiejętności**

P1A\_U05; B\_U04 Stosuje podstawowe narzędzia bioinformatyczne do analizy danych biologicznych, potrafi przeanalizować sekwencje cząsteczek biologicznych in silico, potrafi zidentyfikować sekwencje homologiczne.

**Kompetencje społeczne (postawy)**

P1A\_K02; B\_K03: Student potrafi efektywnie współpracować w małej grupie nad otrzymanym zadaniem.

<b>Kontakt</b>	
beata.guzow@biol.ug.edu.pl	