

Nazwa przedmiotu				Kod ECTS																							
Wstęp do bioinformatyki				13.1.0038																							
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot																											
Katedra Biologii Molekularnej																											
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)																											
dr Beata Guzow-Krzemińska																											
Studia																											
<table><tr><td>wydział</td><td>kierunek</td><td>stopień</td><td>tryb</td><td>specjalność</td><td>specjalizacja</td><td>semestr</td></tr><tr><td>Wydział Biologii</td><td>Biologia</td><td>pierwszego stopnia</td><td>stacjonarne</td><td>wszystkie</td><td>wszystkie</td><td>6</td></tr><tr><td>Wydział Biologii</td><td>Przyroda</td><td>pierwszego stopnia</td><td>stacjonarne</td><td>wszystkie</td><td>wszystkie</td><td>6</td></tr></table>							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
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				2																							
Ćw. audytoryjne				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. audytoryjne: 30 godz.				Razem: 50 godzin																							
Cykl dydaktyczny																											
2016/2017 letni																											
Status przedmiotu			Język wykładowy																								
fakultatywny (do wyboru)			polski																								
Metody dydaktyczne			Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne																								
<ul style="list-style-type: none">- wykład z prezentacją multimedialną- ćwiczenia audytoryjne - metoda projektów (projekt badawczy, wdrożeniowy, praktyczny)- ćwiczenia audytoryjne - praca w grupach- ćwiczenia audytoryjne - rozwiązywanie zadań			Sposób zaliczenia																								
			Zaliczenie na ocenę																								
			Formy zaliczenia																								
			<ul style="list-style-type: none">- ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen częściowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru- wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja- kolokwium																								
			Podstawowe kryteria oceny																								
			Warunkiem zaliczenia przedmiotu jest: <ul style="list-style-type: none">• 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. Nabycie 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 trzeciorzędowych 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_U04, B_U07, B_U13, B_K03. Efekty z obszaru nauk ścisłych: X1A_W03, X1A_W06, X1A_U01, X1A_U02, X1A_K02 Efekty dla kierunku Przyroda: P_W06, P_W07, P_W08, P_W10, P_U03, P_U05, P_K05.	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 czyta proste teksty naukowe w języku angielskim. Student potrafi przygotować projekt badawczy i prezentuje wyniki projektu.
	Kompetencje społeczne (postawy) Student potrafi współpracować w grupie. Student jest odpowiedzialny za powierzony sprzęt i własną pracę.
Kontakt beata.guzow@biol.ug.edu.pl	