

Nazwa przedmiotu			Kod ECTS	
Wstęp do bioinformatyki			13.1.0419	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot				
Katedra Biologii Molekularnej				
Studia				
wydział		kierunek		poziom
Wydział Biologii		Biologia		forma
				moduł
				specjalnościowy
				specjalizacja
				pierwszego stopnia
				stacjonarne
				wszystkie
				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				
2018/2019 letni				
Status przedmiotu		Język wykładowy		
fakultatywny (do wyboru)		polski		
Metody dydaktyczne		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne		
Projektowanie doświadczeń		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% oceny)		
		• wykonanie pracy projektowej oraz jej prezentacja (35% oceny)		
		• praca na zajęciach (15% oceny)		
Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia				
zakładany efekt kształcenia		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
- 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.

Kontakt

beata.guzow@biol.ug.edu.pl