

Politechnika Wrocławska
WYDZIAŁ CHEMICZNY

KARTA PRZEDMIOTU

Nazwa w języku polskim	Bioinformatyka
Nazwa w języku angielskim	Bioinformatics
Kierunek studiów (jeśli dotyczy):	Biotechnologia
Specjalność (jeśli dotyczy):	Biotechnologia farmaceutyczna, Biotechnologia molekularna i biokataliza, Biotechnologia środowiska
Stopień studiów i forma:	I stopień, stacjonarne
Rodzaj przedmiotu:	Obowiązkowy
Kod przedmiotu	BTC023006
Grupa kursów	NIE

*niepotrzebne usunąć

	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium
Liczba godzin zajęć zorganizowanych w Uczelni (ZZU)			30		
Liczba godzin całkowitego nakładu pracy studenta (CNPS)			60		
Forma zaliczenia			zaliczenie na ocenę*		
Dla grupy kursów zaznaczyć kurs końcowy (X)					
Liczba punktów ECTS			2		
w tym liczba punktów odpowiadająca zajęciom o charakterze praktycznym (P)			2		
w tym liczba punktów ECTS odpowiadająca zajęciom wymagającym bezpośredniego kontaktu (BK)			1		

WYMAGANIA WSTĘPNE W ZAKRESIE WIEDZY, UMIEJĘTNOŚCI I INNYCH KOMPETENCJI

1. Podstawowe umiejętności korzystania z komputera i internetu
2. Wiedza z zakresu biologii molekularnej lub biochemii dotycząca kwasów nukleinowych, białek, informacji genetycznej, struktur i funkcji białek

3.	Podstawowa wiedza i umiejętności z zakresu modelowania molekularnego
----	----------------------------------------------------------------------

CELE PRZEDMIOTU	
C1	Zapoznanie studentów z wyszukiwaniem danych biologicznych, danych biochemicznych, medycznych, metabolicznych, sekwencji i struktur biocząsteczek (w tym po podobieństwie)
C2	Zapoznanie studentów z metodami dopasowań sekwencji i struktur, pomiaru podobieństwa, rozpoznawania homologii oraz zastosowaniami dopasowań sekwencji
C3	Zapoznanie studentów z metodami przewidywania struktury biocząsteczek

PRZEDMIOTOWE EFEKTY KSZTAŁCENIA	
Z zakresu wiedzy:	
Osoba, która zaliczyła przedmiot:	
PEK_W01	– zna bazy danych sekwencji i struktur biologicznych, domen i rodzin białkowych, oraz danych metabolicznych, biochemicznych, farmaceutycznych i medycznych; wie, w której bazie jakiej informacji poszukiwać i zna różne narzędzia wyszukiwania
PEK_W02	– zna metody wyszukiwania sekwencji wg podobieństwa i metody pomiaru podobieństwa; wie, jak ocenić statystyczną istotność wyniku wyszukiwania
PEK_W03	– zna wybrane metody dopasowania wielu sekwencji
PEK_W04	– zna wybrane metody analizy filogenetycznej
PEK_W05	– zna podstawowe metody porównywania struktur i przewidywania struktury na podstawie sekwencji
Z zakresu umiejętności:	
Osoba, która zaliczyła przedmiot:	
PEK_U01	– potrafi dobrać wg potrzeb bazę danych i metodę wyszukiwania i łączyć informacje z różnych źródeł
PEK_U02	– potrafi wyszukiwać sekwencje biologiczne wg podobieństwa, dobierając narzędzie wyszukiwania w zależności od rodzaju sekwencji i oczekiwanych wyników, oraz interpretować wyniki
PEK_U03	– potrafi wykonać dopasowanie wielu sekwencji, ocenić jego jakość na podstawie dostępnych adnotacji, poprawiać, edytować i wizualizować dopasowania sekwencji
PEK_U04	– Potrafi dokonać analizy filogenetycznej dla zestawu sekwencji homologicznych i zinterpretować jej wyniki
PEK_U05	– Potrafi używać programów do przewidywania struktur białek, wizualizować struktury, i oszacować jakość uzyskanego modelu

TREŚCI PROGRAMOWE		
Forma zajęć – laboratorium		Liczba godzin
La1	Omówienie baz danych, metod wyszukiwania, pól i operatorów logicznych	2
La2	Bazy danych sekwencji na przykładzie GenBank, NCBI	2

La3	Bazy informacji biochemicznych, medycznych, farmaceutycznych, metabolicznych	2
La4	Wyszukiwanie informacji o sekwencjach (cechy, adnotacje) – baza SwissProt	2
La5	Wyszukiwanie struktur w Protein Data Bank	2
La6	Wizualizacja i analiza struktury cząsteczek	2
La7	Wyszukiwanie sekwencji po podobieństwie. Miary podobieństwa, analiza wyników (ocena homologii)	2
La8	Zaawansowane metody wyszukiwania odległej homologii na podstawie sekwencji	2
La9	Tworzenie i analiza dopasowań sekwencji	2
La10	Poprawianie, edycja i wizualizacja dopasowań sekwencji	2
La11	Analiza filogenetyczna	2
La12	Analiza filogenetyczna – analiza wyników	2
La13	Wprowadzenie do przewidywania struktury na podstawie sekwencji	2
La14	Porównywanie podobieństwa strukturalnego	2
La15	Przewidywanie struktury na podstawie sekwencji	2
	Suma godzin	30

STOSOWANE NARZĘDZIA DYDAKTYCZNE	
N1	Pokaz
N2	Zadania praktyczne z pomocą prowadzącego
N3	Zadania praktyczne samodzielne
N4	Wykorzystywanie oprogramowania do rozwiązywania zadań

OCENA OSIĄGNIĘCIA PRZEDMIOTOWYCH EFEKTÓW KSZTAŁCENIA		
Oceny (F – formująca (w trakcie semestru), P – podsumowująca (na koniec semestru))	Numer przedmiotowego efektu kształcenia	Sposób oceny osiągnięcia efektu kształcenia
F1	PEK_W01, PEK_U01	Zadania indywidualne z wyszukiwania informacji (20% punktów)
F2	PEK_W02, PEK_U02	Zadania indywidualne z wyszukiwania po podobieństwie sekwencji (20% punktów)
F3	PEK_W03, PEK_U03	Zadania indywidualne z tworzenia, analizy i wizualizacji dopasowań sekwencji (20% punktów)
F4	PEK_W04, PEK_U04	Zadania indywidualne z analizy filogenetycznej (20% punktów)
F5	PEK_W05, PEK_U05	Zadania indywidualne z przewidywania struktur na podstawie sekwencji (20% punktów)
P = 3.0 jeżeli suma punktów w zakresie 50-60% 3.5 jeżeli suma punktów w zakresie 61-70% 4.0 jeżeli suma punktów w zakresie 71-80%		

4.5 jeżeli suma punktów w zakresie 81-90%
 5.0 jeżeli suma punktów w zakresie 91-100%
 5.5 jeżeli suma punktów w zakresie 91-100%, oraz student wykazał się
 umiejętnościami wykraczającymi poza program zajęć

LITERATURA PODSTAWOWA I UZUPEŁNIAJĄCA

LITERATURA PODSTAWOWA:

- [1] Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood, „Bioinformatyka i ewolucja molekularna”, PWN 2008
 [2] A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette, „Bioinformatyka” PWN 2005

LITERATURA UZUPEŁNIAJĄCA:

- [1] Entrez Sequences Help: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK44864/>
 [2] M. Zvelebil, J.O. Baum, „Understanding Bioinformatics”, Garland Science 2008
 (Francis & Taylor group)
 [3] A.M.Lesk, “Introduction to bioinformatics”, Oxford University Press 2003

OPIEKUN PRZEDMIOTU

(Tytuł, Imię, Nazwisko, adres e-mail)

Dr hab. Łukasz Berlicki, Lukasz.Berlicki@pwr.wroc.pl
Dr inż. Paweł Kędzierski, Pawel.Kedzierski@pwr.wroc.pl

MACIERZ POWIĄZANIA EFEKTÓW KSZTAŁCENIA DLA PRZEDMIOTU

Bioinformatyka

Z EFEKTAMI KSZTAŁCENIA NA KIERUNKU

Biotechnologia

Przedmiotowy efekt kształcenia	Odniesienie przedmiotowego efektu do efektów kształcenia zdefiniowanych dla kierunku studiów i specjalności (o ile dotyczy)**	Cele przedmiotu ***	Treści programowe ***	Narzędzia dydaktyczne ***
(wiedza) PEK_W01	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C1	La1-La5	N1-N4
PEK_W02	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C1, C2	La7, La8	N1-N4
PEK_W03	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C2	La9, La10	N1-N4
PEK_W04	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C3	La11, La12	N1-N4
PEK_W05	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C4	La6, La13-La15	N1-N4
(umiejętności) PEK_U01	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C1	La1-La5	N1-N4
PEK_U02	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C1, C2	La7, La8	N1-N4
PEK_U03	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C2	La9, La10	N1-N4
PEK_U04	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C3	La11, La12	N1-N4
PEK_U05	T2A_U07, T2A_U18, InzA_U01	C4	La6, La13-La15	N1-N4

** - wpisać symbole kierunkowych / specjalnościowych efektów kształcenia

*** - odpowiednie symbole z tabel powyżej