

1.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku polskim Bioinformatyka	
2.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku angielskim Bioinformatics	
3.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii	
4.	Kod przedmiotu/modułu 29-BT-S2-E2-BI	
5.	Rodzaj przedmiotu/modułu ( <i>obowiązkowy lub fakultatywny</i> ) Obowiązkowy	
6.	Kierunek studiów Biotechnologia	
7.	Poziom studiów ( <i>I lub II stopień lub jednolite studia magisterskie</i> ) II stopień	
8.	Rok studiów ( <i>jeśli obowiązuje</i> ) I rok	
9.	Semestr – <i>zimowy lub letni</i> Letni	
10.	Forma zajęć i liczba godzin Wykład: 15 godz.	
11.	Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy, osoby prowadzącej zajęcia Dr hab. Daniel Krowarsch	
12.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu (modułu) oraz zrealizowanych przedmiotów  Zaliczenie przedmiotów: struktura i funkcja białek i cukrów, struktura i funkcja kwasów nukleinowych, informatyka, ćwiczenia rachunkowe.	
13.	Cele przedmiotu  opis sposobów gromadzenia oraz przetwarzania danych, analizy sekwencji nukleotydowych i białkowych, omówienie metod obliczeniowych stosowanych do przewidywania struktur polipeptydów oraz projektowania białek i niskocząsteczkowych ligandów	
14.	Zakładane efekty kształcenia  potrafi dokonać jakościowego i ilościowego opisu podstawowych zjawisk i procesów biologicznych; zna i rozumie znaczenie metod matematycznych i statystycznych potrzebnych do opisu, interpretacji zjawisk i procesów, jak również eksperymentów	K2_W01, K2_W02, K2_W03, K2_W06, K2_U03, K2_U05, K2_U06

	biologicznych; zna metody obliczeniowe w zakresie statystyki i narzędzia informatyczne pozwalające na analizę danych i interpretację wyników eksperymentów; ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce; czyta ze zrozumieniem literaturę naukową z zakresu bioinformatyki w języku polskim i angielskim oraz potrafi wykorzystać dostępne źródła internetowe i literaturowe do zdobycia informacji z zakresu bioinformatyki; stosuje podstawowe techniki informatyczne do opisu zjawisk biologicznych i analizy danych eksperymentalnych	
15.	Treści programowe  Gromadzenie, analiza oraz przetwarzanie informacji. Budowa i rodzaje baz danych. Wykorzystanie informacji pochodzących z baz danych. Porównywanie sekwencji białkowych i nukleotydowych, typy homologii oraz podobieństwa, matryce podobieństwa. Tok postępowania przy analizie sekwencji. Algorytmy oraz programy do analiz i współlniania sekwencji (alignment). Podstawy dynamiki molekularnej, sieci neuronowych oraz algorytmów genetycznych. Przewidywanie struktur drugo- oraz trzeciorzędowych białek. Modelowanie homologiczne. Zastosowanie metod statystycznych oraz dynamiki molekularnej. Integracja metod przewidywania struktury i funkcji białek. Przewidywanie oddziaływań pomiędzy białkami oraz białkami i ligandami niskocząsteczkowymi. Metody projektowania białek o pożądanym własnościach oraz niskocząsteczkowych ligandów oddziałujących z makrocząsteczkami.	
16.	Zalecana literatura ( <i>podręczniki</i> )  1. Podstawy bioinformatyki (2009) Xiong Jin, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego; 2. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, 2nd ed. (2004) David W. Mount, Cold Spring Harbor Laboratory Press	
17.	Forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu/modułu, sposób sprawdzenia osiągnięcia zamierzonych efektów kształcenia:  wykład: test pisemny, dwa terminy.	
18.	Język wykładowy  Polski	

#### 19. Obciążenie pracą studenta

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności
Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - wykład:	15
Praca własna studenta: - przygotowanie do zajęć: - czytanie wskazanej literatury: - przygotowanie do egzaminu:	60
Suma godzin	75
Liczba punktów ECTS	2