

1.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku polskim Bioinformatyka i genomika
2.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku angielskim Bioinformatics and genomics
3.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
4.	Kod przedmiotu/modułu 29-BT-S2-E1-BiG 29-BT-S2-E1-BiGc
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> ) Zimowy
10.	Forma zajęć i liczba godzin Wykład: 30 godzin Ćwiczenia: 60 godzin
11.	Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy osoby prowadzącej zajęcia Dr hab. Paweł Mackiewicz
12.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu/modułu oraz zrealizowanych przedmiotów  Zaliczony kurs informatyki (obsługi komputera). Podstawowe informacje i zaliczone kursy z genetyki i biologii molekularnej oraz dobra znajomość języka angielskiego.
13.	Cele przedmiotu  Poznanie podstawowych zagadnień z dziedziny genomiki i bioinformatyki oraz związanych z nimi baz danych; zrozumienie idei algorytmów i metod komputerowych stosowanych w analizach sekwencji nukleotydowych w skali genomowej: identyfikowanie sekwencji kodujących białko i analizy sekwencji RNA; poznanie podstaw transkryptomiki: analiza bioinformatyczna profilu ekspresji, przykłady zastosowań mikromacierzy w biologii i medycynie; poznanie organizacji genomów, metod służących do ich analizy oraz baz genomowe. Poznanie algorytmów i metod komputerowej analizy sekwencji białkowych: tłumaczenie sekwencji nukleotydowej na aminokwasową, określanie podstawowych właściwości fizykochemicznych białka, komputerowe trawienie białka, poszukiwanie regionów transbłonowych, modyfikacje potranslacyjne białek, określanie lokalizacji subkomórkowej białek, poszukiwanie

	<p>motywów i domen w białku, określanie struktury drugorzędowej białka, wykonywanie przyrównań strukturalnych, przewidywanie struktur przestrzennych. Poznanie baz struktur przestrzennych (PDB), klasyfikacji strukturalnej białek oraz programów do oglądania struktur przestrzennych.</p>	
14.	<p>Zakładane efekty kształcenia</p> <p>Wiedza:  Student zna podstawowe i specjalistyczne bazy danych dotyczące genów, białek i genomów. Rozumie teoretyczne i praktyczne podstawy analiz bioinformatycznych na różnych poziomach organizacji informacji biologicznej: DNA, RNA i białek oraz genomów. Wie, na czym polegają analizy genomowe i mikromacierzowe oraz przewidywanie struktur cząsteczek.</p> <p>Umiejętności:  Student potrafi korzystać z biologicznych baz danych oraz obsługiwać podstawowe i specjalistyczne programy i narzędzia bioinformatyczne analizujące sekwencje DNA, RNA, białek, poszukujące sekwencji podobnych, wykonujące przyrównania sekwencji, przewidujące struktury i wykonujące analizy genomowe. Student właściwie interpretuje uzyskane wyniki tych analiz. Potrafi zaplanować analizy bioinformatyczne i dobrać odpowiednie programy do postawionego problemu.</p> <p>Kompetencje personalne (postawy):  Student jest chętny do poszerzania swojej wiedzy przez poszukiwanie dodatkowych narzędzi bioinformatycznych w internecie oraz jest świadomy potrzeby ciągłego aktualizowania wiedzy w szybko rozwijającej się dziedzinie bioinformatyki.</p>	<p>K2_W01, K2_W03, K2_W06, K2_U01, K2_U02, K2_U03, K2_U05, K2_U07, K2_K01, K2_K05, K2_K07</p>
15.	<p>Treści programowe</p> <p>Podstawowe zagadnienia z dziedziny genomiki, bioinformatyki, transkryptomiki i proteomiki; rodzaje genomowych i bioinformatycznych baz danych; komputerowe identyfikowanie sekwencji kodujących białko; transkryptomika - metody analiz mikromacierzy; analizy genomów i genomika porównawcza. Komputerowa analiza sekwencji białkowych na poziomie struktury pierwszorzędowej, drugorzędowej i trzeciorzędowej. Poszukiwanie regionów transbłonowych, motywów i domen w białku. Bazy struktur przestrzennych (PDB), przyrównanie strukturalne białek, klasyfikacja strukturalna białek.</p>	
16.	<p>Zalecana literatura (<i>podręczniki</i>)</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. P.G. Higgs, T.K. Attwood. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, 2008</li> <li>2. J.-M. Claverie, C. Notredame. Bioinformatics For Dummies. Wiley Publishing, Inc. 2006.</li> <li>3. A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette (red.) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Wiley-Liss, Inc. 2005 (lub wersja tłumaczona na język polski wydana przez PWN, 2004)</li> <li>4. Informacje dostępne na stronach internetowych baz danych i stronach związanych z genomiką i bioinformatyką.</li> </ol>	

17.	<p>Forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu/modułu, sposób sprawdzenia osiągnięcia zamierzonych efektów kształcenia:</p> <p>Wykład: egzamin pisemny (półtest)  Ćwiczenia: zajęcia praktyczne przy komputerze – wykonanie zleconych zadań;  pisemny półtest</p>											
18.	<p>Język wykładowy</p> <p>Polski</p>											
19.	<p>Obciążenie pracą studenta</p> <table border="1" data-bbox="209 488 1422 871"> <thead> <tr> <th data-bbox="209 488 1026 555">Forma aktywności studenta</th> <th data-bbox="1026 488 1422 555">Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td data-bbox="209 555 1026 656">Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - wykład -ćwiczenia</td> <td data-bbox="1026 555 1422 656">30 60</td> </tr> <tr> <td data-bbox="209 656 1026 757">Praca własna studenta: - przygotowanie do egzaminu - przygotowanie do zaliczenia</td> <td data-bbox="1026 656 1422 757">20 30</td> </tr> <tr> <td data-bbox="209 757 1026 813">Suma godzin</td> <td data-bbox="1026 757 1422 813">50/90</td> </tr> <tr> <td data-bbox="209 813 1026 871">Liczba punktów ECTS</td> <td data-bbox="1026 813 1422 871">4/3</td> </tr> </tbody> </table>		Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności	Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - wykład -ćwiczenia	30 60	Praca własna studenta: - przygotowanie do egzaminu - przygotowanie do zaliczenia	20 30	Suma godzin	50/90	Liczba punktów ECTS	4/3
Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności											
Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - wykład -ćwiczenia	30 60											
Praca własna studenta: - przygotowanie do egzaminu - przygotowanie do zaliczenia	20 30											
Suma godzin	50/90											
Liczba punktów ECTS	4/3											