

Sylabus modułu

Nazwa modułu:	Bioinformatyka – komputerowa analiza struktur DNA i białek													
Typ modułu:	specjalizacyjny													
Kierunek:	Biotechnologia, II stopień [4 sem], stacjonarny, ogólnoakademicki, rozpoczęty w: 2013													
Specjalność:	biotechnologia ogólna													
Jednostka prowadząca:	Zakład Genetyki i Mikrobiologii													
Jednostka, dla której moduł jest oferowany:	Wydział Biologii i Biotechnologii													
Język wykładowy:	• polski													
Liczba godzin - G	sem. 1		sem. 2			sem. 3			sem. 4			Cały moduł		
Forma zajęć - Z	G	Z	E	G	Z	E	G	Z	E	G	Z	E	G	E
Punkty ECTS - E				30,0	KW	3,0							30,0	3,0
Koordynator modułu:	Kalita Michał, dr													
Opis modułu:	Celem kursu jest zapoznanie studenta z podstawowymi algorytmami i metodami analiz sekwencji DNA i białek, terminologią służącą do opisu uzyskiwanych wyników oraz sposobami ich interpretacji													
Dodatkowe informacje:	Zalecana dostępna literatura: Baxevanis, A.D., Ouellette, B.F.F. Bioinformatyka: podręcznik do analizy genów i białek. PWN 2005 Higgs P.G., Attwood T.K. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN 2008													
Modułowe efekty kształcenia:	01 Potrafi szczegółowo scharakteryzować właściwości cząsteczek DNA i białek w oparciu o komputerowo przetworzone informacje dotyczące ich struktury pierwszorzędowej 02 Potrafi wymieniać i scharakteryzować oraz rozumie zasady działania narzędzi do komputerowej analizy sekwencji DNA i białek 03 Wskazuje i charakteryzuje osiągnięcia bioinformatyki, które pozwalają na rozwój medycyny oraz różnych gałęzi biotechnologii 04 Samodzielnie przeprowadza proste analizy sekwencji DNA i białek oraz dobiera podstawowe algorytmy bioinformatyczne do planowanych analiz sekwencji DNA i białek 05 Weryfikuje, interpretuje i wyciąga wnioski z przeprowadzanych in silico analiz 06 Posługuje się fachowym słownictwem z zakresu bioinformatyki 07 Wykazuje kreatywność w samodzielnym planowaniu komputerowych analiz sekwencji DNA i białek oraz jest przekonany o konieczności rozwijania i tworzenia nowych zaawansowanych narzędzi i algorytmów do analiz bioinformatycznych wymuszonych szybkim postępem biologii molekularnej 08 Wykazuje krytycyzm w interpretacji uzyskiwanych wyników i świadomości ich charakteru jako pomocniczego narzędzia w przewidywaniu funkcji genów i białek													