

Sylabus przedmiotu

Przedmiot:	Podstawy bioinformatyki
Kierunek:	Biotechnologia, I stopień [6 sem], stacjonarny, ogólnoakademicki, rozpoczęty w: 2013
Tytuł lub szczegółowa nazwa przedmiotu:	Podstawy bioinformatyki
Rok/Semestr:	III/5
Liczba godzin:	20,0
Nauczyciel:	Mazur Andrzej, dr hab.
Forma zajęć:	laboratorium
Rodzaj zaliczenia:	zaliczenie na ocenę
Punkty ECTS:	2,0
Godzinowe ekwiwalenty punktów ECTS (łącznie liczba godzin w semestrze):	2,0 Godziny kontaktowe z prowadzącym zajęcia realizowane w formie konsultacji 20,0 Godziny kontaktowe z prowadzącym zajęcia realizowane w formie zajęć dydaktycznych 8,0 Przygotowanie się studenta do zajęć dydaktycznych 15,0 Przygotowanie się studenta do zaliczeń i/lub egzaminów 15,0 Studiowanie przez studenta literatury przedmiotu
Poziom trudności:	średnio zaawansowany
Wstępne wymagania:	Zaliczone kursy Genetyki i Biochemii
Metody dydaktyczne:	<ul style="list-style-type: none"> • ćwiczenia laboratoryjne • wykład konwersatoryjny • z użyciem komputera
Zakres tematów:	<p>Treści ćwiczeń: Wyszukiwanie informacji biologicznych w Internecie: metabaza NCBI (National Center for Biotechnology Information). Baza danych bibliograficznych PubMed w NCBI. Przeszukiwanie baz danych sekwencji nukleotydowych GenBank, zintegrowane narzędzie Entrez: użycie słów kluczowych oraz operatorów logicznych. Baza danych schorzeń genetycznych człowieka OMIM, baza danych polimorfizmu pojedynczych nukleotydów SNP, użycie narzędzia MapViewer - analiza danych dotyczących ludzkiego genomu. Struktura genomowych baz danych na przykładzie CMR (Comprehensive Microbial Resource). Przykłady analizy sekwencji aminokwasowych (1D): przewidywanie post-translacyjnych modyfikacji białka, subkomórkowej lokalizacji, masy molekularnej; analiza profilu hydrofobowości; elementy analizy podobieństwa białek z wykorzystaniem programów Fasta, Blast, Psi-Blast, Phi-Blast; zestawienia homologicznych sekwencji aminokwasowych z wykorzystaniem programu Clustal, elementy analizy filogenetycznej; analiza 2D: przewidywanie struktury drugo-rzędowej; analiza 3D: baza danych PDB, wizualizacja struktury białka programem JMol, RasMol, PyMol; interpretacja struktury przestrzennej białka, modelowanie struktury białka (server 3D PSSM, Phyre)</p>
Forma oceniania:	<ul style="list-style-type: none"> • ćwiczenia praktyczne/laboratoryjne • ocena ciągła (bieżące przygotowanie do zajęć i aktywność) • realizacja projektu
Warunki zaliczenia:	Prezentacja multimedialna podsumowująca wyniki komputerowej analizy hipotetycznej sekwencji DNA i/lub białka
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:	<p>01 Student potrafi wskazywać obszary działania i interdyscyplinarny charakter bioinformatyki oraz charakteryzować sposób przetwarzania i zapisu informacji w biologicznych bazach danych</p> <p>02 Student potrafi opisywać i tłumaczyć wpływ nagromadzonych w biologicznych bazach danych informacji na rozwój biotechnologii i nauk biomedycznych</p> <p>03 Student potrafi wykorzystywać zasoby biologicznych i literaturowych baz danych</p> <p>04 Student potrafi poprawnie interpretować komputerowo przetworzone i zapisane w bazach danych informacje dotyczące procesów biologicznych</p> <p>05 Student potrafi wykorzystywać informacje zgromadzone w biologicznych bazach danych do projektowania eksperymentów w badaniach biotechnologicznych i biomedycznych</p> <p>06 Student potrafi posługiwać się podstawową terminologią z zakresu bioinformatyki</p> <p>07 Student ma świadomość konieczności tworzenia i rozwijania publicznych biologicznych baz danych</p> <p>08 Student wykazuje przekonanie o istotności informacji zgromadzonych w bazach danych, możliwości ich praktycznego wykorzystywania oraz potrzebie integracji informacji pochodzących z różnych źródeł wiedzy w przy tworzeniu baz danych w celu pełnego opisu zawartych w nich zjawisk i procesów biologicznych</p>