

Sylabus przedmiotu

Przedmiot:	Bioinformatyka – komputerowa analiza struktur DNA i białek
Kierunek:	Biotechnologia, II stopień [4 sem], stacjonarny, ogólnoakademicki, rozpoczęty w: 2013
Specjalność:	biotechnologia ogólna
Tytuł lub szczegółowa nazwa przedmiotu:	Bioinformatyka – komputerowa analiza struktur DNA i białek
Rok/Semestr:	I/2
Liczba godzin:	30,0
Nauczyciel:	Grela Przemysław, dr
Forma zajęć:	konwersatorium
Rodzaj zaliczenia:	zaliczenie na ocenę
Punkty ECTS:	3,0
Godzinowe ekwiwalenty punktów ECTS (łącznie liczba godzin w semestrze):	0 Godziny kontaktowe z prowadzącym zajęcia realizowane w formie konsultacji 30,0 Godziny kontaktowe z prowadzącym zajęcia realizowane w formie zajęć dydaktycznych 0 Przygotowanie się studenta do zajęć dydaktycznych 0 Przygotowanie się studenta do zaliczeń i/lub egzaminów 0 Studiowanie przez studenta literatury przedmiotu
Literatura:	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 wymienić 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