

## Sylabus przedmiotu

Przedmiot:	<b>Bioinformatyka</b>
Kierunek:	Biologia, II stopień [4 sem], stacjonarny, ogólnoakademicki, rozpoczęty w: 2014
Specjalność:	biochemia
Tytuł lub szczegółowa nazwa przedmiotu:	Bioinformatyka
Rok/Semestr:	II/3
Liczba godzin:	10,0
Nauczyciel:	<b>Kalita Michał, dr</b>
Forma zajęć:	laboratorium
Rodzaj zaliczenia:	zaliczenie na ocenę
Punkty ECTS:	1,0
Godzinowe ekwiwalenty punktów ECTS (łącznie liczba godzin w semestrze):	0 Godziny kontaktowe z prowadzącym zajęcia realizowane w formie konsultacji 10,0 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
Wstępne wymagania:	Zaliczone kursy Genetyki i Biochemii
Metody dydaktyczne:	<ul style="list-style-type: none"> <li>• ćwiczenia laboratoryjne</li> <li>• wykład konwersatoryjny</li> <li>• z użyciem komputera</li> </ul>
Zakres tematów:	Analiza sekwencji DNA: wyszukiwanie motywów funkcjonalnych w DNA, ORF-ów, tworzenie kontigów sekwencji. Metody analizy podobieństwa sekwencji DNA i białek: algorytmy BLAST i FASTA. Algorytmy do wielokrotnych dopasowań sekwencji DNA i białek (programy: Clustal, GeneDoc). Analiza dopasowanie wielu sekwencji aminokwasowych; tworzenie złożonych wielodomenowych danych wejściowych oraz wyznaczenie poprawnego dopasowania; posługiwanie się programem Clustal; zasady analizy filogenetycznej (algorytm średnich połączeń UPGMA, metoda najbliższego sąsiedztwa, metoda bootstrap). Konstrukcja drzew filogenetycznych, ich topologia oraz kryteria oceny. Analiza sekwencji białek: bazy danych PROSITE, Pfam, PDB. Molekularne modelowanie 3D białek, interpretacja struktury 3D białek z wykorzystaniem programów PyMol, VMD; metody wizualizacji i obrazowania interakcji molekularnych w cząsteczkach białek (ligand/białko, białko/białko).
Forma oceniania:	<ul style="list-style-type: none"> <li>• ćwiczenia praktyczne/laboratoryjne</li> <li>• ocena ciągła (bieżące przygotowanie do zajęć i aktywność)</li> <li>• realizacja projektu</li> </ul>
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:	<ol style="list-style-type: none"> <li>01 Student potrafi opisać znaczenie metod bioinformatycznych w rozwoju nauk medycznych i biotechnologicznych</li> <li>02 Student potrafi opisać znaczenie metod bioinformatycznych w rozwoju nauk medycznych i biotechnologicznych</li> <li>03 Student potrafi scharakteryzować szczegółowo właściwości cząsteczek DNA i białek na podstawie komputerowo przetworzonych informacji o ich pierwszorzędowej strukturze</li> <li>04 Student potrafi posługiwać się specjalistycznym słownictwem z zakresu bioinformatyki</li> <li>05 Student potrafi zastosować podstawowe narzędzia i algorytmy bioinformatyczne w samodzielnie prowadzonych analizach sekwencji DNA i białek</li> <li>06 Student potrafi interpretować i wyciągać wnioski z przeprowadzonych in silico analiz</li> <li>07 Student rozumie konieczność tworzenia i rozwijania publicznych biologicznych baz danych</li> <li>08 Student rozumie pomocniczy charakter narzędzi bioinformatycznych w określaniu funkcji genów i białek</li> </ol>