



**KAPITAŁ LUDZKI**  
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez  
Unię Europejską w ramach  
Europejskiego Funduszu  
Społecznego

**UNIA EUROPEJSKA**  
EUROPEJSKI  
FUNDUSZ SPOŁECZNY



<b>Nazwa przedmiotu</b>		<b>Kod ECTS</b>	
Biologiczne bazy danych		13.1.0331	
<b>Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot</b>			
Pracownia Struktury Biopolimerów			
<b>Studia</b>			
<b>wydział</b>	<b>kierunek</b>	<b>poziom</b>	<b>pierwszego stopnia</b>
Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki	Bioinformatyka	<b>forma</b>	stacjonarne
		<b>moduł</b>	Podstawowa
		<b>specjalnościowy</b>	Podstawowa
		<b>specjalizacja</b>	Podstawowa
<b>Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)</b>			
prof. UG, dr hab. Stanisław Ołdziej			
<b>Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin</b>		<b>Liczba punktów ECTS</b>	
<b>Formy zajęć</b>		5 Przedmiot w wymiarze 30h wykładu i 30h ćwiczeń w laboratorium komputerowym + praca własna	
Wykład, Ćw. laboratoryjne			
<b>Sposób realizacji zajęć</b>			
zajęcia on-line, zajęcia w sali dydaktycznej			
<b>Liczba godzin</b>			
Wykład: 30 godz., Ćw. laboratoryjne: 30 godz.			
<b>Cykl dydaktyczny</b>			
2017/2018 zimowy			
<b>Status przedmiotu</b>		<b>Język wykładowy</b>	
obowiązkowy		polski	
<b>Metody dydaktyczne</b>		<b>Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne</b>	
<ul style="list-style-type: none"> <li>- praca własna studenta</li> <li>  konsultacje z prowadzącym</li> <li>- wykład</li> <li>- wykład z prezentacją multimedialną</li> <li>- ćwiczenia laboratoryjne - wykonywanie doświadczeń</li> </ul>		<b>Sposób zaliczenia</b>	
		<ul style="list-style-type: none"> <li>- Zaliczenie na ocenę</li> <li>- Zaliczenie (zał)</li> </ul>	
		<b>Formy zaliczenia</b>	
		<ul style="list-style-type: none"> <li>- egzamin pisemny testowy</li> <li>- wykonanie pracy zaliczeniowej - wykonanie określonej pracy praktycznej</li> </ul>	
		<b>Podstawowe kryteria oceny</b>	
		<p>Egzamin pisemny zawierający pytania testowe jednokrotnego wyboru, sprawdzające wiedzę teoretyczną studenta.</p> <p>Ćwiczenia laboratoryjne: Student zobowiązany jest do wykonania pięciu sprawozdań pisemnych z wykonywanych ćwiczeń. Ocena końcowa będzie średnią arytmetyczną ocen uzyskanych z poszczególnych sprawozdań. Każde sprawozdanie będzie oceniana odrębnie biorąc po uwagę następujące kryteria:</p> <p>a) kompletność (wykonanie wszystkich zaleceń prowadzącego)</p> <p>b) umiejętność zwięzłego i jasnego przedstawienia postawionego problemu i uzyskanych wyników</p> <p>Ocena końcowa pracy zaliczeniowej będzie średnią arytmetyczną ocen w skali 2-5 punktów od a –b, ponadto warunkiem uzyskania pozytywnej oceny jest uzyskanie minimum oceny dostatecznej z każdego kryterium oceny (a-b).</p>	
<b>Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia</b>			

zakładany efekt kształcenia	Egzamin	Wykonanie pracy zliczeniowej	mtd. dydakt 3	mtd. dydakt 4	mtd. dydakt 5	mtd. dydakt 6	mtd. dydakt 7	mtd. dydakt 8
<b>Wiedza</b>								
K_W03	+	+						
K_W04	+	+						
K_W06	+	+						
K_W08	+	+						
<b>Umiejętności</b>								
K_U01	+	+						
K_U06	+	+						
K_U07	+	+						
K_U08	+	+						
K_U09	+	+						

**Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi**

**A. Wymagania formalne**

Ukończony kursy: Biochemia i Biopolimery

**B. Wymagania wstępne**

Brak

**Cele kształcenia**

Celem przedmiotu jest zapoznanie słuchacza z procesem zbierania, weryfikacji, klasyfikacji i udostępniania szerokiego spektrum informacji o materii żywej i procesach zachodzących w organizmach żywych

**Treści programowe**

Program zajęć obejmuje zagadnienia związane z gromadzeniem, przechowywaniem i udostępnianiem danych istotnych z punktu widzenia biologii i dziedzin pokrewnych.

Szczegółowe zagadnienia to:

1. Bazy danych gromadzące dane gnomiczne (sekwencje nukleotydowe)
2. Bazy danych związane z genomem i jego transkrypcją (bazy danych genów, RNA, intronów, czynników transkrypcyjnych, itp.)
3. Bazy danych gromadzące sekwencje aminokwasowe
4. Bazy danych dotyczących modyfikacji posttranslacyjnych
5. Bazy danych gromadzące informacje o szlakach metabolicznych
6. Bazy danych gromadzące informacje strukturalne (PDB – Protein Data Bank)
7. Wymiana informacji między różnymi bazami danych i ich wzajemne powiązania
8. Bazy danych literaturowych (Medline, Web of Science, Scholar Google)

**Wykaz literatury**

- Apweiler, R., Bairoch, A, Wu, C.H., Barker, W.C., Boeckmann, B., Ferro, F., Gasteiger, E., Huang, H., Lopez, R., Magrane, M. UniProt; The Universal protein knowledgebase, Nucl.Acids Res. 32, D115-D119 (2004)
- Pruitt, K.D., Tatusova, T., Maglott, D.R., NCBI Reference Sequence Project: update and current status, Nucl.Acids Res. 31, 34-37 (2003)
- Berman, H.M. Henrick, K. Nakamura H., Announcing the worldwide Protein Data Bank, Nature.Struct.Biol., 10, 980 (2003)
- Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood, Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Wydawnictwo Naukowe PWN 2008

**Efekty kształcenia (obszarowe i kierunkowe)**

K\_W03 ma uporządkowaną, podbudowaną teoretycznie wiedzę ogólną w zakresie programowania, algorytmów i złożoności, języków i paradygmatów programowania, baz danych, inżynierii oprogramowania  
K\_W04 zna podstawowe konstrukcje programistyczne oraz pojęcia składni i semantyki języków programowania; zna podstawowe metody projektowania, analizowania i programowania algorytmów; zna podstawowe struktury danych i wykonywane na nich operacje  
K\_W06 ma wiedzę na temat zarządzania informacją, w tym dotyczącą systemów baz danych, modelowania danych,

**Wiedza**

Student zna:  
Zasady gromadzenia, selekcji i udostępniania danych biologicznych w ogólnie dostępnych bazach danych  
Zależności pomiędzy bazami danych i mechanizmy wymiany informacji  
Podstawowe formaty służące do przechowywania danych biologicznych (np. FASTA, PDB)  
Zasady użytkowania informacji naukowej, a w szczególności zasady dotyczące poszanowania praw autorskich i własności intelektualnej

**Umiejętności**

Student potrafi:  
Odpowiednio przypisać rodzaj danych do odpowiedniej bazy danych

<p>składowania i wyszukiwania informacji</p> <p>K_W08 ma wiedzę zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w naukach ścisłych i przyrodniczych</p> <p>K_U01 potrafi zastosować wiedzę matematyczną i informatyczną do formułowania, analizowania i rozwiązywania prostych zadań związanych z bioinformatyką</p> <p>K_U06 projektuje, analizuje pod kątem poprawności i złożoności obliczeniowej oraz programuje algorytmy; wykorzystuje podstawowe techniki algorytmiczne i struktur danych</p> <p>K_U07 posługuje się przyjętymi formatami reprezentacji różnego rodzaju danych stosownie do sytuacji, pamiętając o ich ograniczeniach</p> <p>K_U08 potrafi stosować podstawowe pakiety oprogramowania użytkowego do prezentacji wyników i analizy danych</p> <p>K_U09 stosuje wybrane techniki i narzędzia badawcze z dziedzin nauk przyrodniczych i ścisłych</p>	<p>Wyszukać zadaną informację w odpowiedniej bazie danych</p> <p>Wykonywać przekrojowe zestawienia informacji pochodzących z różnych źródeł</p>
<p><b>Kontakt</b></p> <p>stan@biotech.ug.gda.pl</p>	<p><b>Kompetencje społeczne (postawy)</b></p>