



KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY



Nazwa przedmiotu		Kod ECTS	
Techniki bioinformatyczne		13.1.0170	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Pracownia Struktury Biopolimerów			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia
Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki	Bioinformatyka	forma	stacjonarne
		moduł	Podstawowa
		specjalnościowy	Podstawowa
		specjalizacja	Podstawowa
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
prof. UG, dr hab. Stanisław Ołdziej			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		7 Przedmiot w wymiarze 30h wykładu i 60h ćwiczeń w laboratorium komputerowym + praca własna	
Wykład, Ćw. laboratoryjne			
Sposób realizacji zajęć			
zajęcia w sali dydaktycznej			
Liczba godzin			
Ćw. laboratoryjne: 60 godz., Wykład: 30 godz.			
Cykl dydaktyczny			
2019/2020 zimowy			
Status przedmiotu		Język wykładowy	
obowiązkowy		polski	
Metody dydaktyczne		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne	
<ul style="list-style-type: none"> - Wykład z prezentacją multimedialną - praca własna konsultacje z prowadzącym - ćwiczenia laboratoryjne w pracowni komputerowej, praca własna konsultacje z prowadzącym 		Sposób zaliczenia	
		<ul style="list-style-type: none"> - Zaliczenie na ocenę - Egzamin 	
		Formy zaliczenia	
		<ul style="list-style-type: none"> - egzamin pisemny z pytaniami (zadaniami) otwartymi - egzamin pisemny testowy - wykonanie pracy zaliczeniowej - wykonanie określonej pracy praktycznej 	
		Podstawowe kryteria oceny	

Egzamin pisemny zawierający pytania testowe jednokrotnego wyboru i/lub pytania otwarte, sprawdzające wiedzę teoretyczną studenta.

Ćwiczenia laboratoryjne:

Student zobowiązany jest do wykonania dwóch prac zaliczeniowych dotyczących zagadnień praktycznych poruszanych na ćwiczeniach. Ocena końcowa będzie średnią arytmetyczną ocen uzyskanych z poszczególnych prac. Każda praca będzie oceniana odrębnie biorąc po uwagę następujące kryteria:

- a) kompletność (wykonanie wszystkich zaleceń prowadzącego)
- b) umiejętność zwięzłego i jasnego przedstawienia postawionego problemu i uzyskanych wyników
- c) analiza otrzymanych wyników

Ocena końcowa pracy zaliczeniowej będzie średnią arytmetyczną ocen w skali 2-5 punktów od a –c, ponadto warunkiem uzyskania pozytywnej oceny jest uzyskanie minimum oceny dostatecznej z każdego kryterium oceny (a-c).

Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia

zakładany efekt kształcenia	Egzamin	Wykonanie pracy zaliczeniowej	mtd. dydak 3	mtd. dydak 4	mtd. dydak 5	mtd. dydak 6	mtd. dydak 7	mtd. dydak 8
Wiedza								
K_W01	+	+						
K_W03	+	+						
K_W04	+	+						
K_W06	+	+						
K_W07	+	+						
K_W08	+	+						
Umiejętności								
K_U01	+	+						
K_U06	+	+						
K_U07	+	+						
K_U08	+	+						
K_U09	+	+						

Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi

A. Wymagania formalne

Brak

B. Wymagania wstępne

Wymagane jest uzyskanie wiedzy, umiejętności i kompetencji realizowanych określonych dla kursów: Biochemia, Biopolimery, Rachunek prawdopodobieństwa

Cele kształcenia

Celem zajęć jest zapoznanie studenta z podstawowymi metodami i technikami bioinformatycznymi oraz z ich praktycznymi zastosowaniami

Treści programowe

Program zajęć obejmuje zagadnienia związane z bioinformatyką i skupia się na omówieniu podstawowych metod i technik oraz na ich praktycznym zastosowaniu na wybranych przykładach.

Szczegółowe zagadnienia to:

1. Podstawy języka programowania PYTHON w zastosowaniach bioinformatycznych
2. Macierze substytucji
3. Algorytmy służące do porównywania sekwencji ze szczególnym uwzględnieniem algorytmów BLAST i PSI-BLAST
4. Porównywanie wielu sekwencji, analizy filogenetyczne

5. Przewidywanie elementów struktury drugorzędowej w łańcuchach białkowych
6. Przewidywanie regionów transmembranowych w łańcuchach białkowych
7. Przewidywanie struktury przestrzennej białek z użyciem modelowania homologicznego

Wykaz literatury

Wykaz literatury podstawowej:

Durbin, R., S. Eddy, A. Krogh and G. Mitchison, Biological sequence analysis, Cambridge University Press, (1998)

Keedwell, E., Intelligent Bioinformatics: The Application of Artificial Intelligence Techniques to Bioinformatics Problems, Wiley, (2005)

Wykaz literatury pomocniczej:

Baxevanis, A.D., Petsko, G.A., Stein, L.D., and Stormo, G.D. Current Protocols in Bioinformatics, Wiley, (2007)

Efekty kształcenia**(obszarowe i kierunkowe)**

K_W01 ma ogólną wiedzę w zakresie matematyki, biologii, chemii i fizyki pozwalającą na rozumienie podstawowych procesów biologicznych

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, składowania i wyszukiwania informacji

K_W07 zna podstawy analizy numerycznej, zna na poziomie podstawowym co najmniej jeden pakiet do obliczeń symbolicznych, zna podstawowe pakiety oprogramowania użytkowego do prezentacji wyników i analizy danych

K_W08 ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w naukach ścisłych i przyrodniczych

K_U01 potrafi zastosować wiedzę matematyczną i informatyczną do formułowania, analizowania i rozwiązywania prostych zadań związanych z bioinformatyką

K_U06 projektuje, analizuje pod kątem poprawności i złożoności obliczeniowej oraz programuje algorytmy; wykorzystuje podstawowe techniki algorytmiczne i struktur danych

K_U07 posługuje się przyjętymi formatami reprezentacji różnego rodzaju danych stosownie do sytuacji, pamiętając o ich ograniczeniach

K_U08 potrafi stosować podstawowe pakiety oprogramowania użytkowego do prezentacji wyników i analizy danych

K_U09 stosuje wybrane techniki i narzędzia badawcze z dziedzin nauk przyrodniczych i ścisłych

Wiedza

Student zna:

Język PYTHON na poziomie dostatecznym do stosowania go w prostych zastosowaniach bioinformatycznych

Podstawowe algorytmy (BLAST, PSI-BLAST, FASTA) stosowane w bioinformatyce do porównywania sekwencji aminokwasowych lub nukleotydowych.

Podstawowe algorytmy i metody stosowane w analizie wielu sekwencji i analizach filogenetycznych

Podstawowe metody i techniki służące do przewidywania właściwości łańcucha polipeptydowego tzn. przewidywania struktury drugorzędowej, odcinków transmembranowych czy sporządzania profili hydrofobowości/hydrofilowości

Podstawowe metody stosowane do przewidywania struktury przestrzennej białek, ze szczególnym uwzględnieniem metod opartych na homologii sekwencyjnej

Umiejętności

Student potrafi:

Napisać prosty program w języku PYTHON

Wykonać zestawienia i porównania sekwencji aminokwasowych/nukleotydowych z zastosowaniem algorytmów BLAST i PSI-BLAST

Zastosować dostępne w sieci WWW narzędzia bioinformatyczne służące do porównywania sekwencji białkowych czy nukleotydowych, przewidujących właściwości łańcucha polipeptydowego (struktura drugorzędowa, odcinki transmembranowe, profile hydrofobowości/hydrofilowości)

Dobrać odpowiednie narzędzie/algorytm do badanego problemu i ocenić wiarygodność i przydatność praktyczną otrzymanych wyników

Kompetencje społeczne (postawy)**Kontakt**

stan@biotech.ug.gda.pl