

**KAPITAŁ LUDZKI**
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCIProjekt 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			
Wykład: 30 godz., Ćw. laboratoryjne: 60 godz.			
Cykl dydaktyczny			
2018/2019 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"> - wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja - egzamin pisemny z pytaniami (zadaniami) otwartymi - egzamin pisemny testowy 	
		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 Perl w zastosowaniach bioinformatycznych (Bio-Perl)
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 Perl 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 Perl

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