



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Bioinformatyka

Przedmiot

Kierunek studiów

Edukacja Techniczno Informatyczna

Studia w zakresie (specjalność)

Poziom studiów

drugiego stopnia

Forma studiów

stacjonarne

Rok/semestr

1/2

Profil studiów

ogólnoakademicki

Język oferowanego przedmiotu

polski

Wymagalność

obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład

15

Ćwiczenia

Laboratoria

15

Projekty/seminaria

Inne (np. online)

Liczba punktów ECTS

3

Wykładowcy

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

mgr Kaja Gutowska

tel. 61-665-3041

e-mail: Kaja.Gutowska@put.poznan.pl

Wydział Informatyki i Telekomunikacji

ul. Piotrowo 2, 60-965 Poznań

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

Wymagania wstępne

Podstawy biologii (na poziomie szkoły średniej), podstawowe umiejętności informatyczne, podstawy programowania, podstawowa wiedza z zakresu baz danych, gotowość do wykraczania poza granice własnej dziedziny nauki, umiejętność twórczego myślenia i pozyskiwania informacji ze wskazanych źródeł. Aktywna postawa przy rozwiązywaniu problemów, kreatywność, ciekawość poznawcza i umiejętność pracy w zespole.

Cel przedmiotu

1. Przekazanie podstawowej wiedzy z bioinformatyki i biologii obliczeniowej.
2. Zarysowanie i rozwijanie umiejętności rozwiązywania współczesnych problemów pojawiających się na gruncie nauk biologicznych, głównie biologii molekularnej, metodami informatycznymi.



3. Zaprezentowanie ogólnodostępnych zasobów i narzędzi bioinformatycznych.
4. Kształtowanie umiejętności pracy zespołowej nad rozwiązaniem postawionych problemów bioinformatycznych.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza

1. Student ma wiedzę o trendach rozwojowych i najistotniejszych nowych osiągnięciach w bioinformatyce [K2_W11], [K2_W14].
2. Student zna podstawowe metody, techniki i narzędzia stosowane przy rozwiązywaniu prostych zadań informatycznych z zakresu bioinformatyki [K2_W07].

Umiejętności

1. Student potrafi pozyskać informacje z literatury, baz danych oraz innych źródeł w celu utrwalenia i poszerzenia wiedzy z zakresu bioinformatyki [K2_U04].
2. Student potrafi przygotować w języku ojczystym dobrze udokumentowane opracowanie problemów i algorytmów z zakresu bioinformatyki [K2_U02].
3. Student potrafi planować i przeprowadzać eksperymenty obliczeniowe z zastosowaniem narzędzi bioinformatycznych, interpretować uzyskane wyniki i wyciągać wnioski [K2_U01],[K2_U10].
4. Student ma umiejętność zaprojektowania algorytmów i ich zaprogramowania z użyciem narzędzi wykorzystywanych w bioinformatyce [K2_U23].

Kompetencje społeczne

1. Student potrafi pracować nad wyznaczonym zadaniem samodzielnie oraz współpracować w zespole [K_K03].
2. Student potrafi odpowiednio określić priorytety służące realizacji określonego przez siebie lub innych zadania [K_K04].
3. Student rozumie potrzeby poszerzania swoich kompetencji w zakresie tworzenia oraz zastosowania narzędzi do analizy danych w bioinformatyce i rozumie, że w tej dziedzinie wiedza i umiejętności szybko stają się przestarzałe [K2_K01].

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Ocena formująca:

- w zakresie wykładów:

na podstawie odpowiedzi na pytania dotyczące materiału omówionego na poprzednich wykładach;

- w zakresie laboratoriów:

na podstawie oceny bieżącego postępu realizacji zadań.



Ocena podsumowująca:

- ocenianie ciągłe na zajęciach,
- egzamin końcowy,
- ocena przygotowania studenta do poszczególnych sesji zajęć laboratoryjnych,
- ocena umiejętności związanych z realizacją ćwiczeń laboratoryjnych,
- uzyskiwanie punktów dodatkowych za obecność i aktywność podczas zajęć.

Treści programowe

W ramach wykładu studenci poznają podstawowe zagadnienia współczesnej bioinformatyki, a także podstawowe pojęcia i zagadnienia z zakresu biologii molekularnej, niezbędne do zrozumienia omawianych zagadnień bioinformatycznych. Poruszone zostaną następujące zagadnienia:

1. Wstęp do biologii molekularnej i bioinformatyki
2. Biologiczne bazy danych
3. Analiza i porównywanie sekwencji
4. Genomika i sekwencjonowanie
5. Resekwencjonowanie i asemblacja
6. Bioinformatyka strukturalna
7. Biologia systemów

W trakcie zajęć laboratoryjnych studenci rozwiązują w sposób teoretyczny oraz praktyczny problemy natury bioinformatycznej oraz zapoznają się z dostępnymi zasobami i narzędziami bioinformatycznymi, powiązanymi z tematyką wykładów.

Metody dydaktyczne

1. Wykład: prezentacja multimedialna, prezentacja ilustrowana przykładami podawanymi na tablicy.
2. Ćwiczenia laboratoryjne: ćwiczenia praktyczne, wykonywanie eksperymentów, dyskusja, praca w zespole.

Literatura

Podstawowa

1. P.G. Higgs, T.K. Atwood. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN. Warszawa. 2012.
2. J. Xiong. Podstawy bioinformatyki. Wyd. Uniwersytetu Warszawskiego. Warszawa. 2009.



3. A.D. Baxevanis, B.F. F. Ouellette. Bioinformatyka: Podręcznik do analizy genów i białek. PWN. Warszawa. 2005.

Uzupełniająca

1. RC Deonier, S.Tavare, MS Waterman. Computational Genome analysis. an Introduction. Springer 2005

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	45	3,0
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	30	2,0
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwium/egzaminu, wykonanie projektu) ¹	15	1,0

¹ niepotrzebne skreślić lub dopisać inne czynności