



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Wprowadzenie do bioinformatyki [S1Bioinf1>WdBIO]

Przedmiot

Kierunek studiów

Bioinformatyka

Rok/Semestr

1/2

Studia w zakresie (specjalność)

–

Profil studiów

ogólnoakademicki

Poziom studiów

pierwszego stopnia

Język oferowanego przedmiotu

polski

Forma studiów

stacjonarne

Wymagalność

obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład

15

Laboratorium

15

Inne (np. online)

0

Ćwiczenia

0

Projekty/seminaria

0

Liczba punktów ECTS

2,00

Koordynatorzy

dr Kaja Gutowska

kaja.gutowska@put.poznan.pl

Wykładowcy

dr Kaja Gutowska

kaja.gutowska@put.poznan.pl

Wymagania wstępne

Student rozpoczynający ten moduł powinien posiadać podstawową wiedzę o działaniu komputera, w tym systemów operacyjnych, wiedzę o podstawowej terminologii, umiejętność obsługi programów w języku angielskim oraz posiadać podstawowe umiejętności programowania w języku C/C++. Ponadto, ważna jest umiejętność pozyskiwania informacji ze wskazanych źródeł, umiejętność pozyskiwania wiedzy z otoczenia, a także 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.
2. Student zna podstawowe metody, techniki i narzędzia stosowane przy rozwiązywaniu prostych zadań informatycznych z zakresu bioinformatyki.
3. Student ma wiedzę niezbędną do rozumienia społecznych uwarunkowań działalności oraz ich uwzględnienia w praktyce.

Umiejętności:

1. Student potrafi stosować podstawowe techniki i narzędzia informatyczne do rozwiązywania problemów biologicznych, a także potrafi interpretować uzyskane wyniki i wyciągać wnioski.
2. Student potrafi pozyskać informacje z literatury, baz danych oraz innych źródeł w celu utrwalenia i poszerzenia wiedzy z zakresu bioinformatyki.
3. Student rozumie systemowe podejście do zadań bioinformatycznych i dostrzega w nich nie tylko informatyczne ujęcie problemu, ale także istotny kontekst biologiczny. Przy tym student zna terminologię i potrafi wykorzystać język adekwatny do podejmowanych dyskusji naukowych w komunikacji z różnymi środowiskami.

Kompetencje społeczne:

1. Student rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i 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.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Ocena formująca:

- a) W zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest na podstawie odpowiedzi na pytania dotyczące materiału omówionego na poprzednich wykładach.
- b) W zakresie laboratoriów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest na podstawie oceny bieżącego postępu realizacji zadań.

Ocena podsumowująca:

- a) W zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez ocenę wiedzy i umiejętności wykazanych na kolokwium pisemnym.
- b) W zakresie laboratoriów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:
 - ocenę przygotowania studenta do poszczególnych zajęć laboratoryjnych,
 - ocenę umiejętności związanych z realizacją ćwiczeń laboratoryjnych,
 - uzyskiwanie punktów dodatkowych za 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. Zajęcia 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	50	2,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	30	1,00
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwίων/egzaminu, wykonanie projektu)	20	1,00