

KARTA PRZEDMIOTU

Kod przedmiotu	0512.6.BIOT1.B/C.BI	
Nazwa przedmiotu w języku	polskim	Bioinformatyka Bioinformatics
	angielskim	

1. USYTUOWANIE PRZEDMIOTU W SYSTEMIE STUDIÓW

1.1. Kierunek studiów	biotechnologia
1.2. Forma studiów	stacjonarne
1.3. Poziom studiów	studia pierwszego stopnia licencjackie
1.4. Profil studiów*	ogólnoakademicki
1.5. Osoba przygotowująca kartę przedmiotu	dr Dawid Gmiter
1.6. Kontakt	dawid.gmiter@ujk.edu.pl

2. OGÓLNA CHARAKTERYSTYKA PRZEDMIOTU

2.1. Język wykładowy	polski
2.2. Wymagania wstępne*	-

3. SZCZEGÓŁOWA CHARAKTERYSTYKA PRZEDMIOTU

3.1. Forma zajęć	stacjonarne: wykład 45, laboratoria 45	
3.2. Miejsce realizacji zajęć	zajęcia w pomieszczeniu dydaktycznym UJK	
3.3. Forma zaliczenia zajęć	Wykład - zaliczenie z oceną (kolokwium), ćwiczenia laboratoryjne - zaliczenie z oceną (projekt)	
3.4. Metody dydaktyczne	Wykład, dyskusja, pokaz, samodzielne doświadczenia, projekt	
3.5. Wykaz literatury	podstawowa	P.G Higgs, T. K. Attwood „Bioinformatyka i ewolucja molekularna” PWN 2008, A. Lesk „Wprowadzenie do bioinformatyki” PWN 2019
	uzupełniająca	Basics of Bioinformatics 2013 Lecture Notes of the Graduate Summer School on Bioinformatics of China Editors: Jiang, Rui, Zhang, Xuegong, Zhang, Michael Q. (Eds.) Materiały pomocnicze dostarczane w trakcie zajęć

4. CELE, TREŚCI I EFEKTY UCZENIA SIĘ

4.1. Cele przedmiotu (z uwzględnieniem formy zajęć) Wykład: C1. Wiedza o sposobie analizy informacji genetycznej i sposobach jej odczytywania C2. Wykorzystanie narzędzi informatycznych do podstawowych procesów edycji sekwencji genetycznych Ćwiczenia: C1. Uzyskanie umiejętności praktycznych w zakresie podstawowych analiz bioinformatycznych C2. Zrozumienie podstawowych procesów i algorytmów bioinformatycznych oraz różnic pomiędzy nimi	
4.2. Treści programowe (z uwzględnieniem formy zajęć) Wykład: <ol style="list-style-type: none"> 1. Wprowadzenie do bioinformatyki – termin in silico, historia bioinformatyki, bazy danych 2. Obieg informacji genetycznych w żywych komórkach: DNA/RNA/Białko, kod genetyczny 3. Podstawowe formaty plików stosowanych w bioinformatyce 4. Porównywanie par sekwencji: stosowane algorytmy, przyrównanie globalne i lokalne 5. Algorytmy stosowane w analizie filogenetycznej. Metody odtwarzania drzew filogenetycznych; klasyczne metody oceny topologii i metryki drzew. 6. Prowadzenie do analizy danych sekwencjonowania wysokoprzepustowego (NGS) – technologie NGS, analiza jakości danych (Quality Control), asemblacja de novo, adnotacja sekwencji genomowych 7. Wprowadzenie do analizy struktur wysokiego rzędu białek Sposób zaliczenia: kolokwium Ćwiczenia laboratoryjne: <ol style="list-style-type: none"> 1. Zapoznanie z pozyskiwaniem informacji oraz ich deponowaniem w bazach danych: GenBank, PubMed, Protein, Gene, Nucleotide 2. DNA-RNA-Białko – wyszukiwanie ramek odczytu, przepisywanie sekwencji nukleotydowych w aminokwasowe, wyznaczenie sekwencji odwrotne komplementarnych 3. Analiza porównawcza z zastosowaniem algorytmów lokalnych (BLAST) 4. Analiza filogenetyczna cz. 1: przyrównanie sekwencji – Muscle, Clustal 5. Analiza filogenetyczna cz. 2: wizualizacja drzew filogenetycznych – porównanie metod filogenetycznych i rozumieniem stosowanych parametrów analizy, SeaView, CLC Sequence Viewer 6. Projektowanie i ocena jakości starterów reakcji PCR oraz qPCR: PrimerQuest, OligoAnalyser 7. Zapoznanie z programami analizującymi sekwencje genomowe: FASTQC, asemblatory DNA (SPADES, Unicycler), RAST, Prokka, portale Galaxy, Patric oraz KBase 8. Zastosowanie programu R oraz systemu operacyjnego Linux w bioinformatyce Sposób zaliczenia: projekt naukowy	

4.3. Przedmiotowe efekty uczenia się

Efekt	Student, który zaliczył przedmiot	Odniesienie do kierunkowych efektów uczenia się
w zakresie WIEDZY:		
W01	Zna i rozumie metody z zakresu bioinformatyki stosowane w opisie i analizie porównawczej danych genetycznych	BIOT1A_W05
W02	Zna pojęcia odnoszące się do procesu sekwencjonowania DNA, w tym analizy jakości danych oraz analizy filogenetycznej	BIOT1A_W07
w zakresie UMIEJĘTNOŚCI:		
U01	Potrafi stosować bioinformatyczne bazy danych i rozumie ich znaczenie w biotechnologii	BIOT1A_U03
U02	Potrafi właściwie dobierać i stosować metody bioinformatyczne w badaniach biotechnologicznych DNA oraz białek	BIOT1A_U04
U03	Potrafi posługiwać się językiem naukowym z zakresu bioinformatyki, filogenetyki i biologii molekularnej typowym dla biotechnologii	BIOT1A_U08
w zakresie KOMPETENCJI SPOŁECZNYCH:		
K01	Jest gotów do krytycznej oceny posiadanej wiedzy, rozumie stały rozwój metod bioinformatycznych i jest gotów do ciągłego rozwijania własnych kompetencji	BIOT1A_K01
K02	Posiada umiejętności deponowania informacji genetycznych w publicznych bazach danych oraz potrafi zaprezentować wyniki badań osobom nie posiadającym specjalistycznej wiedzy z bioinformatyki	BIOT1A_K05

4.4. Sposoby weryfikacji osiągnięcia przedmiotowych efektów uczenia się

Efekty przedmiotowe (symbol)	Sposób weryfikacji (+/-)																				
	Egzamin ustny/pisemny*			Kolokwium*			Projekt*			Aktywność na zajęciach*			Praca własna*			Praca w grupie*			Inne:		
	Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć		
	W	C	...	W	L	...	W	L	...	W	C	...	W	L	...	W	L	...	W	L	...
W01				+				+													
W02				+				+													
U01								+													
U02								+													
U03				+				+													
K01				+				+													
K01				+				+													

*niepotrzebne usunąć

4.5. Kryteria oceny stopnia osiągnięcia efektów uczenia się

Forma zajęć	Ocena	Kryterium oceny
wykład (W) (w tym e-learning)	3	Zalecenie – kolokwium, uzyskanie 51-60% łącznej liczby pkt. możliwych do uzyskania
	3,5	Zalecenie – kolokwium, uzyskanie 61-70% łącznej liczby pkt. możliwych do uzyskania
	4	Zalecenie – kolokwium, uzyskanie 71-80% łącznej liczby pkt. możliwych do uzyskania
	4,5	Zalecenie – kolokwium, uzyskanie 81-90% łącznej liczby pkt. możliwych do uzyskania
	5	Zalecenie – kolokwium, uzyskanie 91-100% łącznej liczby pkt. możliwych do uzyskania
laboratoria (K) (w tym e-learning)	3	Zaliczenie - projekt, opracowanie 51-60% przedstawionego zakresu tematu
	3,5	Zaliczenie - projekt, opracowanie 61-70% przedstawionego zakresu tematu
	4	Zaliczenie - projekt, opracowanie 71-80% przedstawionego zakresu tematu
	4,5	Zaliczenie - projekt, opracowanie 81-90% przedstawionego zakresu tematu
	5	Zaliczenie - projekt, opracowanie 91-100% przedstawionego zakresu tematu

5. BILANS PUNKTÓW ECTS – NAKŁAD PRACY STUDENTA

Kategoria	Obciążenie studenta	
	Studia stacjonarne	Studia niestacjonarne
<i>LICZBA GODZIN REALIZOWANYCH PRZY BEZPOŚREDNIM UDZIALE NAUCZYCIELA /GODZINY KONTAKTOWE/</i>	90	
<i>Udział w wykładach*</i>	44	
<i>Udział w ćwiczeniach, konwersatoriach, laboratoriach*</i>	45	
<i>Udział w egzaminie/kolokwium zaliczeniowym*</i>	1	
<i>SAMODZIELNA PRACA STUDENTA /GODZINY NIEKONTAKTOWE/</i>	60	
<i>Przygotowanie do wykładu*</i>	5	
<i>Przygotowanie do ćwiczeń, konwersatorium, laboratorium*</i>	5	
<i>Przygotowanie do egzaminu/kolokwium*</i>	20	
<i>Zebranie materiałów do projektu, kwerenda internetowa*</i>	30	
ŁĄCZNA LICZBA GODZIN	150	
PUNKTY ECTS za przedmiot	6	

**niepotrzebne usunąć*

Przyjmuję do realizacji (data i czytelne podpisy osób prowadzących przedmiot w danym roku akademickim)

.....