**Nazwa przedmiotu:**

Bioinformatyka

**Koordynator przedmiotu:**

prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

**Status przedmiotu:**

Obowiązkowy

**Poziom kształcenia:**

Studia II stopnia

**Program:**

Biotechnologia

**Grupa przedmiotów:**

Wspólne

**Kod przedmiotu:**

brak

**Semestr nominalny:**

1 / rok ak. 2009/2010

**Liczba punktów ECTS:**

3

**Liczba godzin pracy studenta związanych z osiągnięciem efektów uczenia się:**

**Liczba punktów ECTS na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich:**

**Język prowadzenia zajęć:**

polski

**Liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje w ramach zajęć o charakterze praktycznym:**

**Formy zajęć i ich wymiar w semestrze:**

|  |  |
| --- | --- |
| Wykład:  | 0h |
| Ćwiczenia:  | 0h |
| Laboratorium:  | 30h |
| Projekt:  | 0h |
| Lekcje komputerowe:  | 0h |

**Wymagania wstępne:**

Genetyka, Biologia molekularna

**Limit liczby studentów:**

**Cel przedmiotu:**

Celem zajęć jest zapoznanie studenta z nowoczesnymi metodami przeszukiwania baz danych sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych przy użyciu sekwencji, metodami sekwencjo-nowania i składania genomów, genomiką porównawczą i funkcjo-nalną, metodami modelowania struktur białek.

**Treści kształcenia:**

Wykład zawiera wiadomości dotyczące baz danych dla biologii molekularnej i biotechnologii oraz współzależności baz. Przedstawione zostaną podstawowe operacje na jednej sekwencji nukleotydowej, porównywanie dwu sekwencji, metody przeszukiwania baz danych sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych przy użyciu sekwencji jako zapytań, porównywanie wielu sekwencji. Omówiona będzie analiza rodzin białek, zaawansowane metody znajdowania podobieństwa sekwencji, motywy sekwencji związane z funkcją, sygnały segregacji do przedziałów komórki, sekwencje kontrolujące ekspresję genów. Przedstawione będą metody sekwencjonowania i składania genomów, odróżnianie kodujących i niekodujących sekwecji DNA (metody ab initio i oparte na homologii), anotacja genomów, genomika porównawcza (na poziomie całych genomów) i funkcjonalna. Omówione będą struktury biopolimerów, zwijanie białek, grafika molekularna – narzędzia, modelowanie struktur białek, oddziaływania białko-białko i sieci oddziaływań, OMIKi i analiza danych eksperymentalnych pochodzących z OMIK oraz biologia systemów.

**Metody oceny:**

zaliczenie zajęć

**Egzamin:**

**Literatura:**

brak

**Witryna www przedmiotu:**

**Uwagi:**

## Efekty przedmiotowe