**Nazwa przedmiotu:**

Bioinformatyka

**Koordynator przedmiotu:**

prof. dr hab. Gładki

**Status przedmiotu:**

Obowiązkowy

**Poziom kształcenia:**

Studia II stopnia

**Program:**

Biotechnologia

**Grupa przedmiotów:**

Obowiązkowe

**Kod przedmiotu:**

brak

**Semestr nominalny:**

1 / rok ak. 2014/2015

**Liczba punktów ECTS:**

3

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

1. godziny kontaktowe 30h, w tym:
a) obecność na laboratoriach 24h,
b) obecność na wykładach 6h
2. zapoznanie się ze wskazaną literaturą – 20h
3. przygotowanie do egzaminu i obecność na egzaminie – 25h
Razem nakład pracy studenta: 24h + 6h + 20h + 25h = 75h, co odpowiada 3 punktom ECTS.

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

1. obecność na wykładach – 6h,
2. obecność na zajęciach laboratoryjnych – 24h
Razem: 6h + 24h = 30h, co odpowiada 1 punktowi ECTS.

**Język prowadzenia zajęć:**

polski

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

1. obecność na zajęciach laboratoryjnych – 24h,
2. przygotowanie do zajęć - 6h
Razem: 30h, co odpowiada 1 punktowi ECTS.

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

|  |  |
| --- | --- |
| Wykład: | 15h |
| Ćwiczenia: | 15h |
| Laboratorium: | 0h |
| Projekt: | 0h |
| Lekcje komputerowe: | 0h |

**Wymagania wstępne:**

Genetyka, Biologia molekularna

**Limit liczby studentów:**

brak

**Cel przedmiotu:**

Po ukończeniu kursu student powinien:
• posiadać wiedzę teoretyczną na temat podstawowych problemów bioinformatycznych
• dysponować praktycznymi umiejętnościami rozwiązywania prostych problemów bioinformatycznych

**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:**

nie

**Literatura:**

brak

**Witryna www przedmiotu:**

ch.pw.edu.pl

**Uwagi:**

## Efekty przedmiotowe

### Profil ogólnoakademicki - wiedza

**Efekt W01:**

posiada ogólną wiedzę teoretyczną na temat podstawowych problemów bioinformatycznych

Weryfikacja:

egzamin

**Powiązane efekty kierunkowe:**

**Powiązane efekty obszarowe:**

### Profil ogólnoakademicki - umiejętności

**Efekt U01:**

potrafi rozwiązywać proste problemy bioinformatyczne

Weryfikacja:

egzamin

**Powiązane efekty kierunkowe:**

**Powiązane efekty obszarowe:**

### Profil ogólnoakademicki - kompetencje społeczne

**Efekt K01:**

potrafi pracować samodzielnie mając świadomość konieczności stałego pogłębiania i aktualizowania wiedzy.

Weryfikacja:

egzamin

**Powiązane efekty kierunkowe:**

**Powiązane efekty obszarowe:**