

(pieczęć wydziału)

**KARTA PRZEDMIOTU**

<b>1. Nazwa przedmiotu: BIOINFORMATYKA</b>		<b>2. Kod przedmiotu:</b>		
<b>3. Karta przedmiotu ważna od roku akademickiego: 2012/2013</b>				
<b>4. Forma kształcenia:</b> studia pierwszego stopnia				
<b>5. Forma studiów:</b> studia stacjonarne				
<b>6. Kierunek studiów:</b> BIOTECHNOLOGIA; (WYDZIAŁ AEII)				
<b>7. Profil studiów:</b> ogólnoakademicki				
<b>8. Specjalność:</b> BIOINFORMATYKA				
<b>9. Semestr:</b> 5, 6				
<b>10. Jednostka prowadząca przedmiot:</b> Instytut Informatyki				
<b>11. Prowadzący przedmiot:</b> prof. dr hab. Andrzej Polański				
<b>12. Przynależność do grupy przedmiotów:</b> przedmioty specjalnościowe				
<b>13. Status przedmiotu:</b> wybieralny				
<b>14. Język prowadzenia zajęć:</b> polski				
<b>15. Przedmioty wprowadzające oraz wymagania wstępne:</b> Analiza matematyczna, Fizyka, Dynamika układów. Zakłada się, że przed rozpoczęciem nauki niniejszego przedmiotu student posiada przygotowanie w zakresie liniowych równań różniczkowych z wymuszeniem dystrybucyjnym oraz ich rozwiązywania z wykorzystaniem transformacji Laplace'a, oraz równań różniczkowych i transformacji Z. Zakłada się znajomość pojęcia modelu układu dynamicznego w postaci równań stanu, transmitancji, odpowiedzi impulsowych i skokowych oraz charakterystyk częstotliwościowych podstawowych układów dynamicznych łącznie z opóźnieniem.				
<b>16. Cel przedmiotu:</b> Celem przedmiotu „bioinformatyka” jest zaznajomienie studentów z zagadnieniami związanymi zastosowaniami metod matematycznych, informatycznych i statystycznych dla różnorodnych zagadnień związanych opracowywaniem wyników eksperymentów biologii molekularnej. Program pokrywa najnowsze techniki eksperymentalne, sekwencjonowanie genomu, techniki proteomiczne oraz transkryptomiczne.				
<b>17. Efekty kształcenia:</b>				
Nr	Opis efektu kształcenia	Metoda sprawdzenia efektu kształcenia	Forma prowadzenia zajęć	Odniesienie do efektów dla kierunku studiów
1	ma podstawową wiedzę w zakresie struktur modeli matematycznych stosowanych w opisie ewolucji DNA	EP	WT, WM	K_W08 K_W22
2	posiada wiedzę o metodach analizy danych transkryptomicznych i proteomicznych	EP	WT, WM	K_W06 K_W20
3	posiada orientację w strukturach danych stosowanych do zapisu wyników eksperymentów biologii molekularnej	EP	WT, WM	K_W09
4	zna metody uliniowania sekwencji molekularnych	OS	L	K_W20
5	potrafi samodzielnie konstruować algorytmy przetwarzania danych bioinformatycznych	EP, SP,	C, L	K_U06 K_U09 K_U26
6	posiada orientację w serwisach bioinformatycznych i zasobach bioinformatycznych baz danych	SP, CL, EP	C, L WT, WM	K_U01
7	potrafi zastosować odpowiednie metody analizy danych transkryptomicznych i proteomicznych	CL, PS	C, L	K_U09 K_U26 K_U27
8	rozumie i potrafi rozwiązywać problemy związane z rozwiązywanym problemem analizy danych	CL, PS	WM, L	K_K03 K_K07

9	ma świadomość trudności w analizę danych biologicznych	CL, PS	WM, L	K_K04
<b>18. Formy zajęć dydaktycznych i ich wymiar (liczba godzin)</b>				
W. : 60 L.: 30				
<b>19. Treści kształcenia:</b>				
<b>Wykład</b>				
<b>Bioinformatyka w genomice.</b> Struktura DNA. Model Watsona Cricka. Mechanizmy replikacji i transkrypcji. Sekwencjonowanie genomu. Kojarzenie sekwencji. Anotacja sekwencji DNA. Genomowe bazy danych. Metodologia prezentacji struktur DNA.				
<b>Bioinformatyka w proteomice.</b> Struktura i funkcje białek. Metody separacji, detekcji i identyfikacji białek. Profile ekspresji białek. Struktura drugo i trzeciorzędowa białek. Proteomowe bazy danych. Modelowanie i przewidywanie struktur drugo i trzeciorzędowych peptydów i białek.				
<b>Bioinformatyka w transkryptomice.</b> Struktura pierwszo i drugorzędowa kwasu RNA. Funkcje RNA. Bazy danych RNA. Prezentacja modelowanie i przewidywanie struktur drugo i trzeciorzędowych RNA.				
<b>Modele matematyczne.</b> Pojęcie modelu matematycznego. Modele statyczne i dynamiczne. Parametry modeli. Zadania estymacji i identyfikacji parametrów modeli. Maksymalizacja wiarygodności. Algorytm EM i jego zastosowania. Łańcuchy Markowa. Ukryte Łańcuchy Markowa i algorytm Vitterbiego. Algorytm Bauma Welscha. Metody MCMC, algorytm Metropolisa - Hastingsa. Programowanie dynamiczne. Sieci Boolowskie, sieci Bayesowskie, stochastyczne sieci Boolowskie.				
<b>Metody bioinformatyczne ewolucji.</b> Odtwarzanie drzew filogenetycznych. Klasyczne metody oceny topologii i metryki drzew. Algorytm Felsensteina - Churchila. Teoria koalescencji. Sieci genowe i ścieżki sygnałowe. Kinetyka reakcji biochemicznych. Reakcje katalizowane przez enzymy, reakcje ligand – receptor. Cykle metaboliczne. Modelowanie sieci genowych i ścieżek sygnałowych. Ontologie. Sieć Gene Ontology. Wykorzystanie wiedzy o aspektach funkcjonalnych genów w interpretacji wyników eksperymentów.				
<b>Bioinformatyczne bazy danych i serwisy internetowe.</b> Bazy danych sekwencji nukleotydowych. Bazy danych sekwencji białkowych. Bazy danych struktur białek. Wizualizacja struktur białkowych. Anotacje genów i białek.				
<b>Zajęcia laboratoryjne</b>				
<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Bioinformatyczne bazy danych</li> <li>2. Analiza sekwencji biologicznych</li> <li>3. Programowanie w języku R</li> <li>4. Wyszukiwanie i analiza motywów w DNA na przykładzie sekwencji wiążących czynników transkrypcyjnych (TFBS)</li> <li>5. Analiza strukturalna i energetyczna białek</li> <li>6. Grupowanie danych z ekspresji i opis funkcjonalny uzyskanych grup</li> </ol>				
<b>20. Egzamin:</b> tak; pisemny, dwuczęściowy.				

<b>21. Literatura podstawowa:</b>				
1. P. G. Higgs, T.K. Attwood, Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, 2007				
<b>22. Literatura uzupełniająca:</b>				
1. Baxevanis A., Ouellette B. F., (eds), (1998), Bioinformatics, A Practical Guide the Analysis of Genes and Proteins, Willey.				
2. Mount D.W., (2000), Bioinformaics, Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Laboratory Press.				
3. Ewens W. J., Grant G. R., (2001), Statistical Methods in Bioinformatics, Springer, New York.				
4. Polanski A., Kimmel M., Bioinformatics, Springer, 2007.				

**23. Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia efektów kształcenia**

Lp.	Forma zajęć	Liczba godzin kontaktowych / pracy studenta
1	Wykład	60/60
2	Ćwiczenia	/
3	Laboratorium	30/30
4	Projekt	/
5	Seminarium	/
6	Inne	30/30
	Suma godzin	120/120

**24. Suma wszystkich godzin: 240****25. Liczba punktów ECTS: 8****26. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego: 4****27. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach o charakterze praktycznym (laboratoria, projekty): 2****26. Uwagi:**

Zatwierdzono:

.....  
(data i podpis prowadzącego).....  
(data i podpis dyrektora instytutu/kierownika katedry/  
Dyrektora Kolegium Języków Obcych/kierownika lub  
dyrektora jednostki międzywydziałowej)