

Nazwa jednostki prowadzącej kierunek:	Wyższa Szkoła Medyczna w Białymstoku Wydział Ogólnomedyczny		
Nazwa kierunku:	BIOTECHNOLOGIA		
Poziom kształcenia:	Studia pierwszego stopnia		
Profil kształcenia:	praktyczny		
Moduły wprowadzające/wymagania wstępne:	Biologia, genetyka ogólna, biologia molekularna, technologia informacyjna		
Nazwa modułu / przedmiotu (przedmiot lub grupa przedmiotów)	BIOINFORMATYKA		
Osoby prowadzące:			
Forma studiów liczba godzin/liczba punktów ECTS	Kod przedmiotu	ECTS: 3	
	studia stacjonarne w/ćw	studia niestacjonarne w/ćw	liczba punktów ECTS
Zajęcia zorganizowane:	15/15		1
Praca własna studenta:	60		2
Bilans nakładu pracy studenta	Godziny kontaktowe z nauczycielem akademickim:		
	udział w wykładach	5x3 h	15
	udział w ćwiczeniach	5x3 h	15
	konsultacje	3x1	3
	RAZEM:	33	
	Samodzielna praca studenta:		
	przygotowanie do ćwiczeń	5x2 h	
	przygotowanie do kolokwii	2x5 h	
	przygotowanie do egzaminu	1x40 h	
	RAZEM:	60	

Cele modułu:		
Student zapozna się z bazami danych zawierającymi informacje na temat białek, kwasów nukleinowych, mutantów i innych. Przedstawione zostaną metody wyszukiwania informacji oraz w wybranych przypadkach, także ich deponowania, zestawiania, tworzenia porównań oraz modelowania biomolekuł.		
Efekty kształcenia:		
Przedmiotowy efekt kształcenia	Efekty kształcenia	Odniesienie do kierunkowych efektów kształcenia
P_W01	Student zna najważniejsze bazy danych, w których zdeponowane są informacje o materiałach biologicznych.	K_W49, K_W81
P_W02	Student zna strukturę tych baz oraz sposoby wykorzystania zawartej w nich informacji.	K_W04
P_U01	Student potrafi przeszukiwać bazy danych zawierające dane o kwasach nukleinowych, białkach, organizmach modelowych i inne.	K_U23, K_U34
P_U02	Student umie analizować sekwencje DNA oraz białka, tworzyć modele struktur II i III-rzędowych z wykorzystaniem programów do wizualizacji i manipulacji.	K_U06, K_U37
P_K01	Student potrafi pracować w grupie i przedstawiać wyniki doświadczeń na forum grupy, potrafi wyszukiwać nowe zastosowania dla poznanych metod badań <i>In-silico</i> .	K_K03
Forma zajęć/metody dydaktyczne:		
Prezentacje multimedialne na wykładach, ustne wprowadzenie do ćwiczeń, ćwiczenia laboratoryjne (sala komputerowa), dyskusja w grupie		
Metody weryfikacji efektu kształcenia:		
Nr efektu kształcenia	Metody weryfikacji efektu kształcenia	
	formujące	podsumowujące
P_W01	Ustne odpowiedzi w trakcie zajęć	Egzamin pisemny, test
P_W02	Ustne odpowiedzi w trakcie	Egzamin pisemny, test

	zajęć	
P_U01	Ocena umiejętności pracy z bazami danych oraz wykorzystywania narzędzi bioinformatyki.	Sprawozdanie z zajęć
P_U02	Ocena umiejętności pracy z bazami danych oraz wykorzystywania narzędzi bioinformatyki.	Sprawozdanie z zajęć
P_K01	Ocena zdolności pracy samodzielnej i w grupie.	
Treści programowe:		
<p>Wykłady:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) Wprowadzenie do bioinformatyki – zastosowania i podstawowe narzędzia. 2) Struktura baz dostępnych na stronie NCBI. 3) Przeszukiwanie baz danych kwasów nukleinowych oraz metody analizy sekwencji z wykorzystaniem zewnętrznych narzędzi. 4) Porównywanie sekwencji DNA – dostępne narzędzia. 5) Analiza porównawcza białek i modelowanie białek. 6) Metody bioinformatyczne w tworzeniu map fizycznych genomów. 7) Sekwencjonowanie nowej generacji – algorytmy umożliwiające uzyskiwanie sekwencji o pożądanej jakości. 8) Wykorzystanie narzędzi bioinformatycznych do genotypowania (techniki DArT, microchipy i inne). <p>Ćwiczenia:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) Analiza sekwencji nukleinowych i aminokwasowych z wykorzystaniem narzędzi online. 2) Analiza porównawcza sekwencji DNA z wykorzystaniem narzędzi zewnętrznych. 3) Bazy danych o enzymach. 4) Modelowanie białek. 5) Metody przeszukiwania baz danych o mutantach. Test. 		
Literatura podstawowa:		
<p>Baxevanis A.D. i Ouellette B.F.F, 2004, <i>Bioinformatyka</i>, wyd. PWN;</p> <p>Higgs P.G. i Attwood T.K, 2008, <i>Bioinformatyka i ewolucja molekularna</i>, wyd. PWN</p>		
Literatura uzupełniająca:		
<p>Claverie J.M. and Notredame C, 2003, <i>Bioinformatics for dummies</i>, wyd. Wiley Publishing</p>		