

Nazwa jednostki prowadzącej kierunek:	Wyższa Szkoła Medyczna w Białymstoku		
	Wydział Ogólnomedyczny		
Nazwa kierunku:	Biotechnologia		
Poziom kształcenia:	Studia I stopnia	semestr VI	
Profil kształcenia:	Ogólnoakademicki		
Moduły wprowadzające / wymagania wstępne:	Biologia, genetyka ogólna, biologia molekularna, technologia informacyjna		
Nazwa modułu (przedmiot lub grupa przedmiotów):	BIOINFORMATYKA		
Osoby prowadzące:	dr. n. med. Natalia Wawrusiewicz - Kuryłonek		
Forma studiów	Studia stacjonarne w/ćw	studia niestacjonarne w/ćw	liczba punktów ECTS
/liczba godzin/liczba punktów ECTS:			
zajęcia zorganizowane:		15/25	5
praca własna studenta:		85	
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:	<p>Wiedza: student zna najważniejsze bazy danych, w których zdeponowane są informacje o materiałach biologicznych. Student zna strukturę tych baz oraz sposoby wykorzystania zawartej w nich informacji.</p> <p>Umiejętności: student potrafi przeszukiwać bazy danych zawierające dane o kwasach nukleinowych, białkach, organizmach modelowych i inne. Student umie analizować sekwencje DNA oraz białka, tworzyć modele struktur II i III-rzędowych z wykorzystaniem programów do wizualizacji i manipulacji.</p> <p>Kompetencje społeczne: student potrafi pracować w grupie i przedstawiać wyniki doświadczeń na forum grupy, potrafi wyszukiwać nowe zastosowania dla poznanych metod badań <i>In-silico</i>.</p>		
Forma zajęć/metody dydaktyczne:			

Prezentacje multimedialne na wykładach, ustne wprowadzenie do ćwiczeń, ćwiczenia laboratoryjne (sala komputerowa), dyskusja w grupie

Forma i warunki zaliczenia przedmiotu w odniesieniu do efektów kształcenia:

Wiedza: egzamin z treści wykładów, test zaliczeniowy z ćwiczeń

Umiejętności: wykonywanie zadań na ćwiczeniach zgodnie z teoretycznym wprowadzeniem, Sprawne posługiwanie się oprogramowaniem do tworzenia zestawień, porównań, modelowania i manipulacji.

Kompetencje: umiejętność współpracy, dyskusji i wyciągania wniosków, zorientowanie na poszerzanie wiedzy dotyczącej wykorzystania narzędzi bioinformatycznych w pracy *In-silico*.

Treści programowe:

Wykłady: studia niestacjonarne

1. Wprowadzenie do bioinformatyki – zastosowania i podstawowe narzędzia. (2h)
2. Struktura baz dostępnych na stronie NCBI. (2h)
3. Przeszukiwanie baz danych kwasów nukleinowych oraz metody analizy sekwencji z wykorzystaniem zewnętrznych narzędzi. (2h)
4. Porównywanie sekwencji DNA – dostępne narzędzia. (2h)
5. Analiza porównawcza białek i modelowanie białek. (2h)
6. Metody bioinformatyczne w tworzeniu map fizycznych genomów. (2h)
7. Sekwencjonowanie nowej generacji – algorytmy umożliwiające uzyskiwanie sekwencji o pożądanej jakości. (2h)
8. Wykorzystanie narzędzi bioinformatycznych do genotypowania (techniki DArT, microchipy i inne). (1h)

Ćwiczenia: studia niestacjonarne

1. Analiza sekwencji nukleinowych i aminokwasowych z wykorzystaniem narzędzi online. (5h)
2. Analiza porównawcza sekwencji DNA z wykorzystaniem narzędzi zewnętrznych. (5h)
3. Bazy danych o enzymach. (5h)
4. Modelowanie białek. (5h)
5. Metody przeszukiwania baz danych o mutantach. Test. (5h)

Literatura podstawowa:

1. Baxevanis A.D. i Ouellette B.F.F.: *Bioinformatyka*, wyd. PWN 2004
2. Higgs P.G. i Attwood T.K.: *Bioinformatyka i ewolucja molekularna*, wyd. PWN 2008

Literatura uzupełniająca:

1. Claverie J.M. and Notredame C.: *Bioinformatics for dummies*, wyd. Wiley Publishing, 2003