

KARTA PRZEDMIOTU

Nazwa przedmiotu: Bioinformatyka (BioAu>SI5BIA19)

Nazwa w języku polskim:

Nazwa w jęz. angielskim: Bioinformatics

Dane dotyczące przedmiotu:

Jednostka oferująca przedmiot: Wydział Automatyki, Elektroniki i Informatyki

Przedmiot dla jednostki: Politechnika Śląska

Domyślny typ protokołu dla przedmiotu:

ZAL

Język wykładowy:

polski

Strona WWW:

<https://platforma2.polsl.pl/rau1/course/view.php?id=194>

Skrócony opis:

Celem przedmiotu jest zapoznanie studentów z metodami analizy danych genomicznych i proteomicznych, metodami algorytmami i narzędziami służącymi do porównywania sekwencji biologicznych, analizy danych z eksperymentów w biologii molekularnej oraz wprowadzenie uniwersalnych metod matematycznych, wykorzystywanych w różnych dziedzinach wiedzy, ze szczególnym uwzględnieniem ich zastosowań w bioinformatyce.

Opis:

Wykłady
-Bioinformatyka w genomice, proteomice i transkryptomice - przykłady podstawowych zagadnień i ich znaczenie
-Annotacja sekwencji DNA i białek.
-Bioinformatyczne bazy danych i serwisy internetowe
-Metody bioinformatyczne opisu ewolucji
-Sekwencjonowanie genomu
-Metody optymalizacji w bioinformatyce i biotechnologii
-Problem dopasowania sekwencji DNA i białek - programowanie dynamiczne. Algorytmy Needlemana-Wunscha i Smitha-Watermana
-Dopasowywanie wielu sekwencji (Multiple Sequence Alignment)
-Modele Markowa i ich zastosowanie w bioinformatyce

Laboratorium

- Bioinformatyczne bazy danych i ich wykorzystanie
- Analiza sekwencji z wykorzystaniem języka R
- Znajdowanie dopasowania sekwencji DNA i białkowych
(Alternatywnie: Laboratorium realizowane metodą PBL)

Przedmioty wprowadzające oraz wymagania wstępne: Matematyka, Informatyka, Wprowadzenie do bioinformatyki, Biostatystyka i biometria, Biologia molekularna i genetyka ogólna. Zakłada się, że przed rozpoczęciem zajęć student/studentka zna podstawowe techniki eksperymentalne biologii molekularnej, posiada elementarną wiedzę ze statystyki i programowania obliczeń komputerowych

Literatura:

1. P. G. Higgs, T.K. Attwood, Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, Warszawa, 2016
2. A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette (red.): Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek. Wydawnictwo Naukowe PWN, 2005.
3. R. Durbin, S.R. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison: Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids. Cambridge University Press, 1999.

Literatura uzupełniająca:

4. Mount D.W., Bioinformatics, Sequence and Genome Analysis, Cold Spring, Laboratory Press, 2000.
5. Ewens W. J., Grant G. R., Statistical Methods in Bioinformatics, Springer, New York, 2001.
6. Higgins D., Taylor W. Bioinformatics: Sequence, structure, and databanks. Oxford University Press, Oxford, 2000

Efekty uczenia się:

Wiedza - student zna i rozumie:

- (1) metody analizy danych transkryptomicznych i proteomicznych (K1A_W13, K1A_W15, K1A_W20, K1A_W21)
- (2) algorytmy i narzędzia wykorzystywane w dopasowywaniu sekwencji zasad i aminokwasów (K1A_W15, K1A_W20, K1A_W21)
- (3) podstawowe pojęcia związane z modelami Markowa (K1A_W02, K1A_W06, K1A_W22)

Umiejętności - student potrafi:

- (4) wykorzystać narzędzia dostępne w serwisach bioinformatycznych (K1A_U01, K1A_U09)
- (5) samodzielnie zaimplementować wybrane algorytmy wykorzystywane w analizie danych transkryptomicznych i proteomicznych (K1A_U26)

Metody i kryteria oceniania:

1. Warunkiem koniecznym i wystarczającym zaliczenia przedmiotu jest uzyskanie zaliczenia wszystkich ćwiczeń laboratoryjnych
2. Ocena za ćwiczenia laboratoryjne jest przyznawana na podstawie sprawozdania, przesyłanego w formie elektronicznej na Platformę Zdalnej Edukacji. Szczegółowe wymagania oraz sposób oceniania sprawozdań zamieszczone są na PZE.
3. Ocena końcowa jest średnią arytmetyczną ocen uzyskanych za ćwiczenia laboratoryjne oraz zadania zrealizowane w ramach testów z zakresu wykładów
4. Osoby realizujące w trakcie semestru projekt bioinformatyczny (PBL) mogą uzyskać zaliczenie na podstawie raportu i prezentacji wyników, w których wyraźnie wyodrębnione są zadania poszczególnych członków grupy projektowej. Z raportu musi wynikać wprost osiągnięcie przedmiotowych efektów uczenia się.

Przynależność do grup przedmiotów w cyklach:

Opis grupy przedmiotów	Cykl pocz.	Cykl kon.
Biotechnologia S1 semestr 5 specj. BIO (BioAu>SI5-BIO-19)	2021/2022-Z	

Punkty przedmiotu w cyklach:

<bez przypisanego programu>			
Typ punktów	Liczba	Cykl pocz.	Cykl kon.
Europejski System Transferu Punktów (ECTS)	4	2021/2022-Z	

.....
Podpis