

1.	Nazwa kierunku	inżynieria biomedyczna
2.	Cykl rozpoczęcia	2016/2017 (semestr zimowy)
3.	Poziom kształcenia	studia pierwszego stopnia (inżynierskie)
4.	Profil kształcenia	ogólnoakademicki
5.	Forma prowadzenia studiów	stacjonarna

**Moduł kształcenia:** Podstawy bioinformatyki i bioinformatyki systemów

**Kod modułu:** 08-IBIMB-S1-PBIBS

1. Liczba punktów ECTS: 4

2. Zakładane efekty kształcenia modułu			
kod	opis	efekty kształcenia kierunku	stopień realizacji (skala 1-5)
k_1	Zna podstawowe zagadnienia będące przedmiotem rozważań bioinformatyki i bioinformatyki systemów	W11	5
k_2	Zna specyficzne oprogramowanie wykorzystywane w bioinformatyce i bioinformatyce systemów, zna ograniczenia oprogramowania związane ze złożonością zastosowanych algorytmów	W03	4
k_3	Posiada podstawową wiedzę związaną z działaniem systemów – skomplikowanych układów charakteryzowanych wieloma, często zależnymi od siebie parametrami w odniesieniu do układów świata ożywionego.	W02	4
k_4	Posiada podstawową wiedzę o znaczeniu białek w działaniu organizmów żywych, zna podstawy bioinformatyki strukturalnej	W05	1
k_5	Potrafi wykorzystać odpowiednie narzędzia programistyczne/oprogramowanie do zrealizowania postawionych zadań związanych z bioinformatyką i bioinformatyką systemów	U10	5
k_6	Potrafi zaproponować rozwiązanie postawionego zagadnienia związanego z bioinformatyką wraz z szacunkami dotyczącymi złożoności czasowej i obliczeniowej zaproponowanego do rozwiązania algorytmu	U11	3
k_7	potrafi sformułować algorytm	U24	3
k_8	umiejętnie i w sposób zaawansowany: obsługuje i użytkuje komputer	U07	1
k_9	ma świadomość odpowiedzialności za pracę własną	K03	1

3. Opis modułu	
Opis	W trakcie zajęć studenci zapoznają się z bioinformatycznymi bazami danych, rodzajem zawartych w nich informacji oraz interfejsami umożliwiającymi dostęp do informacji. Studenci zapoznają się ze specyficznymi formatami zapisu danych wykorzystywanych oraz wybranymi zagadnieniami bioinformatyki, takimi jak: globalne i lokalne przyrównywanie sekwencji, przyrównywanie par sekwencji i wielu sekwencji, identyfikacja funkcjonalnych elementów genomu. Identyfikacja genów różnicujących – budowa i zasada działania mikromacierzy, analiza danych z mikromacierzy. Zagadnienie

	identyfikowania motywów regulatorowych. Białka i rzędowość ich struktury, przewidywanie funkcji białka. Przewidywanie struktury białek. Zagadnienie istnienia i identyfikacji elementów sygnałowych. Analiza filogenetyczna. Modelowanie złożonych układów biologicznych, również na poziomie molekularnym.
<b>Wymagania wstępne</b>	Podstawowa obsługa komputera - edytor tekstowy, arkusz kalkulacyjny, przeglądarka internetowa, umiejętność instalacji i konfiguracji oprogramowania.

<b>4. Sposoby weryfikacji efektów kształcenia modułu</b>			
<b>kod</b>	<b>nazwa (typ)</b>	<b>opis</b>	<b>efekty kształcenia modułu</b>
k_w_1	zaliczenie	Rozwiązanie testu na platformie e-learningowej obejmującego pytania typu: dopasuj odpowiedź, wskaż, przeciągnij-i-upuść, wielokrotnego i jednokrotnego wyboru.	k_1, k_2, k_3, k_4, k_5, k_6, k_7, k_8, k_9
k_w_2	aktywność na zajęciach	Wykonywanie ćwiczeń na podstawie materiałów dostarczonych przez prowadzącego związanego z poszczególnymi treściami programowymi. Przygotowanie sprawozdania z wykonanych ćwiczeń.	k_1, k_2, k_3, k_4, k_5, k_6, k_7, k_8, k_9

<b>5. Rodzaje prowadzonych zajęć</b>						
<b>kod</b>	<b>rodzaj prowadzonych zajęć</b>			<b>praca własna studenta</b>		<b>sposoby weryfikacji efektów kształcenia</b>
	<b>nazwa</b>	<b>opis (z uwzględnieniem metod dydaktycznych)</b>	<b>liczba godzin</b>	<b>opis</b>	<b>liczba godzin</b>	
k_fs_1	laboratorium	wykonanie zadanych ćwiczeń odpowiadających specyficznym zagadnieniom treści programowych	60	wykonanie ćwiczeń związanych z tematyką konkretnych zajęć określonych przez prowadzącego	60	k_w_1, k_w_2