

Karta przedmiotu Podstawy bioinformatyki

1. Informacje podstawowe

Kierunek studiów kierunek lekarski Jednostka zarządzająca kierunkiem studiów Wydział Medyczny Poziom studiów jednolite magisterskie (jmgr) Profil studiów Profil ogólnoakademicki Forma studiów studia stacjonarne		Cykl kształcenia (nabór) 2025/26 Kod przedmiotu 17MEDS.JM2.3077.25 Języki wykładowe polski Obligatoryjność Fakultatywny Blok zajęciowy Przedmioty ogólne Grupa zajęć standardu B. Naukowe podstawy medycyny
Wymagania wstępne	Wiedza i umiejętności nabyte podczas kursu z przedmiotu: Informatyka i biostatystyka. Sposób weryfikacji: Zaliczenie przedmiotów określanych jako wprowadzające jest równoznaczne ze spełnieniem wymogów wstępnych do przedmiotu.	
Przedmioty wprowadzające	Informatyka i biostatystyka	
Koordynator	Beata Sitkowska	
Okres Semestr 2	Forma zaliczenia Zaliczenie na ocenę Forma prowadzenia i godziny zajęć Wykład: 10 Ćwiczenia: 20	Liczba punktów ECTS 2.0

2. Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Opis efektów uczenia się	Odniesienie do kierunkowych efektów uczenia się	Odniesienie do charakterystyk PRK
Wiedza:			
W1	Absolwent zna i rozumie podstawowe narzędzia bioinformatyczne wykorzystywane w medycynie. Zna zagadnienia analizy bioinformatycznej.	B.W23.	P7S_WG
Umiejętności:			
U1	Absolwent potrafi korzystać z bioinformatycznych baz danych oraz właściwie interpretować zawarte w nich informacje potrzebne do rozwiązywania problemów z zakresu chorób genetycznych.	B.U8.	P7S_UW P7S_UU
U2	Absolwent potrafi planować własną aktywność edukacyjną i stale dokształcać się w celu aktualizacji wiedzy z zakresu bioinformatyki.	O.U5.	P7S_UU
Kompetencje społeczne:			
K1	Jest gotów do podjęcia pracy zawodowej z uwzględnieniem osiągnięć i możliwości jakie daje nowa wiedza pochodząca z biologicznych i bioinformatycznych baz danych.	O.K7.	P7S_KO P7S_KR P7S_KK

3. Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Formy zajęć	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Wprowadzenie i podstawowe pojęcia z bioinformatyki. Historia bioinformatyki. Biologiczne bazy danych z uwzględnieniem ich potencjalnego zastosowania w medycynie. Zasoby i możliwości wykorzystania informacji z baz NCBI oraz Ensembl. Porównanie i dopasowanie sekwencji biologicznych. Poszukiwanie podobieństwa w bazach danych. Wprowadzenie do filogenetyki. Metody analiz filogenetycznych.	Wykład	W1, U1
2.	Biomedyczne i biologiczne bazy danych. Zapoznanie z bazą NCBI. Narzędzia dostępne w bazie NCBI. Model danych Ensembl. Wykorzystanie narzędzia BIOMART. Wyszukiwanie informacji za pomocą narzędzia VARIATION. Wykorzystanie informacji z bioinformatycznych baz danych i możliwości ich zastosowania w medycynie. Przeszukiwanie baz danych. Dopasowanie sekwencji biologicznych. Konstruowanie i analiza drzew filogenetycznych.	Ćwiczenia	W1, U1, U2, K1

4. Metody prowadzenia zajęć, weryfikacji efektów uczenia się i warunki zaliczenia

Forma zajęć	
-------------	--

Wykład	Metody prowadzenia zajęć:	
	Wykład, Dyskusja	
	Metody (sposoby) weryfikacji:	Udział:
	Kolokwium	90%
	Obserwacja	10%
	Warunki zaliczenia przedmiotu:	
	Student musi uzyskać ocenę pozytywną z dwóch kolokwium - co najmniej 60% punktów potwierdzających osiągnięcie efektów uczenia, w przypadku uzyskania mniejszej niż 60% puli punktów – student/ka ma dwie poprawy. Sposób obliczania oceny końcowej: Średnia arytmetyczna z ocen uzyskanych z dwóch kolokwium.	
Ćwiczenia	Metody prowadzenia zajęć:	
	Ćwiczenia laboratoryjne	
	Metody (sposoby) weryfikacji:	Udział:
	Kolokwium	100%
	Warunki zaliczenia przedmiotu:	
	Student musi uzyskać ocenę pozytywną z dwóch kolokwium - co najmniej 60% punktów potwierdzających osiągnięcie efektów uczenia, w przypadku uzyskania mniejszej niż 60% puli punktów – student/ka ma dwie poprawy. Sposób obliczania oceny końcowej: Średnia arytmetyczna z ocen uzyskanych z dwóch kolokwium.	

Efekt uczenia się dla przedmiotu	Metody (sposoby) weryfikacji	
	Kolokwium	Obserwacja
W1	x	
U1	x	
U2	x	
K1		x

5. Literatura

Literatura podstawowa

1. Baxevanis A.D. (red.), Ouellette B.F.F. (red.), 2005. Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek, PWN
2. Jin Xiong J., 2010. Podstawy bioinformatyki, WUW
3. Higgs P.W., Attwood T.K., 2008. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN
4. Buehler, L. K., & Rashidi, H. H. (Eds.). (2005). Bioinformatics basics: applications in biological science and medicine. CRC Press.

Literatura uzupełniająca

1. Materiały edukacyjne na stronach internetowych: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> oraz <http://ebi.ac.uk>
2. Pevsner J. (red.), 2015. Bioinformatics and Functional Genomics. UK, Wiley-Blackwell.
3. Baxevanis, A. D., Bader, G. D., & Wishart, D. S. (Eds.). (2020). Bioinformatics. John Wiley & Sons.
4. Lesk, A. (2019). Introduction to bioinformatics. Oxford university press.
5. Bacciu, D., Lisboa, P. J., Martín, J. D., Stoean, R., & Vellido, A. (2018). Bioinformatics and medicine in the era of deep learning. arXiv preprint arXiv:1802.09791.

6. Nakład pracy studenta - bilans godzin i punktów ECTS

Aktywność studenta		Obciążenie studenta Liczba godzin
Zajęcia prowadzone z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego lub innych osób prowadzących zajęcia	Wykład	10
	Ćwiczenia	20
Praca własna studenta	Przygotowanie do zajęć	7
	Studiowanie literatury	8
	Przygotowanie do zaliczenia	7
Łączny nakład pracy studenta		52
Liczba punktów ECTS		2

* Godzina (dydaktyczna) oznacza 45 minut