

Biomedyczne bazy danych - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	Biomedyczne bazy danych
Kod przedmiotu	13.4-WB-BTD-BiomBD-S20
Wydział	Wydział Nauk Biologicznych
Kierunek	Biotechnologia / Biotechnologia farmaceutyczna
Profil	ogólnoakademicki
Rodzaj studiów	drugiego stopnia z tyt. magistra
Semestr rozpoczęcia	semestr zimowy 2022/2023

Informacje o przedmiocie	
Semestr	4
Liczba punktów ECTS do zdobycia	3
Typ przedmiotu	obowiązkowy
Język nauczania	polski
Sylabus opracował	dr Elżbieta Heger

Formy zajęć					
Forma zajęć	Liczba godzin w semestrze (stacjonarne)	Liczba godzin w tygodniu (stacjonarne)	Liczba godzin w semestrze (niestacjonarne)	Liczba godzin w tygodniu (niestacjonarne)	Forma zaliczenia
Laboratorium	30	2	-	-	Zaliczenie na ocenę

Cel przedmiotu

Celem przedmiotu jest prezentacja najważniejszych, współcześnie rozwijających się biologicznych baz danych ze szczególnym uwzględnieniem baz z zakresu danych biomedycznych, praktycznego wykorzystania ich potencjału w analizach *in silico*, planowaniu zadań eksperymentalnych czy analizie porównawczej przypadków patologii molekularnych.

Wymagania wstępne

Znajomość zagadnień z zakresu biochemii, genetyki i biologii komórki.Umiejętność obsługi komputera oraz korzystania z programów komputerowych i źródeł internetowych.

Zakres tematyczny

Laboratorium komputerowe

1. Indeks biologicznych baz danych. Źródła i i rodzaje danych biologicznych i danych do analiz i symulacji biomedycznych.
2. Rejestry BBD i ich aktualizacje. Analiza źródeł finansowania, nadzoru i metod weryfikacji zasobów dla wybranych przykładów baz.
3. Przykłady baz źródłowych i zasobów pierwotnych. Analiza dynamiki rozwoju poszczególnych typów zasobów.
4. Przykłady baz wtórnych, konstrukcja metabaz i baz specjalistycznych.
5. Struktura bazy The National Center for Biotechnology Information (NCBI).
6. Bazy sekwencji DNA (GenBank,EMBL, DDBJ i in.),
7. Bazy sekwencji i struktur białkowych (UniProt, ExPASy, Swiss -Prot, Protein Data Bank, BRENDA i in.)
8. Bazy bibliograficzne (PubMed, PubMed Central, BookShelf i in.).
9. Analiza wybranych zasobów biomedycznych w bazach danych.

Metody kształcenia

Laboratorium komputerowe: ćwiczenia z wykorzystaniem programów komputerowych i zasobów internetowych baz danych. Konsultacje indywidualne.

Efekty uczenia się i metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
-------------	-----------------	--------------------	-------------

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
Student w zaawansowanym stopniu definiuje, analizuje i opisuje zjawiska i procesy na poziomie molekularnym	K2A_W02 K2A_W03	- aktywność w trakcie zajęć - bieżąca kontrola na zajęciach - praca pisemna - zaliczenie - ustne, opisowe, testowe i inne	Laboratorium
Student rozumie konieczność podnoszenia swoich kompetencji, wykorzystania wpływu najnowszych odkryć nauki na poprawę jakości życia społeczeństwa	K2A_U02 K2A_K01	- aktywność w trakcie zajęć - dyskusja	Laboratorium
Student rozumie wagę danych statystycznych w interpretacji zjawisk i procesów biologicznych.	K2A_W08 K2A_W11	- dyskusja - kolokwium - wykonanie sprawozdań laboratoryjnych	Laboratorium
Student potrafi zdobywać i przetwarzać informacje z różnych źródeł, w tym ze źródeł angielskojęzycznych	K2A_U07 K2A_K02 K2A_K03	- aktywność w trakcie zajęć - dyskusja - referat - zaliczenie - ustne, opisowe, testowe i inne	Laboratorium

Warunki zaliczenia

Laboratorium komputerowe: warunkiem zaliczenia jest uzyskanie pozytywnych ocen z testu końcowego (ocena pozytywna powyżej 50 % punktów możliwych do uzyskania), przygotowania zaplanowanych sprawozdań pisemnych i jednej prezentacji multimedialnej. Test zaliczeniowy to test praktycznych umiejętności, zawiera 20 zadań których realizacja wymaga odpowiedniego wyboru zasobów danych, prawidłowego postępowania analitycznego i wysunięcia wniosków. Czas trwania zaliczenia 60 minut. Pozytywną ocenę uzyskuje student po udzieleniu 50 % poprawnych odpowiedzi.

Literatura podstawowa

- Xiong J. 2009.Podstawy bioinformatyki. Wyd. UW, Warszawa
- <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2015.01.006>
- <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/journals/4/>
- <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- <http://www.embl.de/>
- <http://www.ddbj.nig.ac.jp>

Literatura uzupełniająca

- Baxevanis A.D. (red.), Ouellette B.F.F. (red.), 2004.Bioinformatyka.Podręcznik do analizy genów i białek. PWN,Warszawa.
- Higgs P.W., Attwood T.K.2008.Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, Warszawa.

Uwagi

Zmodyfikowane przez dr Andrzej Jurkowski (ostatnia modyfikacja: 20-04-2022 14:26)

Wygenerowano automatycznie z systemu SyllabUZ