

POLITECHNIKA KRAKOWSKA IM. TADEUSZA KOŚCIUSZKI

KARTA PRZEDMIOTU

obowiązuje studentów rozpoczynających studia w roku akademickim 2022/2023

Wydział Mechaniczny

Kierunek studiów: Inżynieria Medyczna

Profil: Ogólnoakademicki

Forma studiów: stacjonarne

Kod kierunku: M

Stopień studiów: II

Specjalności: Biomechanika, Inżynieria kliniczna

1 INFORMACJE O PRZEDMIOCIE

NAZWA PRZEDMIOTU	Bioinformatyka
NAZWA PRZEDMIOTU W JĘZYKU ANGIELSKIM	
KOD PRZEDMIOTU	WM IMED oHS B5 22/23
KATEGORIA PRZEDMIOTU	Przedmioty kierunkowe
LICZBA PUNKTÓW ECTS	2.00
SEMESTRY	2

2 RODZAJ ZAJĘĆ, LICZBA GODZIN W PLANIE STUDIÓW

SEMESTR	WYKŁAD	ĆWICZENIA	LABORATORIUM	LABORATORIUM KOMPUTERO- WE	PROJEKT	SEMINARIUM
2	15	0	0	0	15	0

3 CELE PRZEDMIOTU

Cel 1 Zapoznanie z podstawowymi celami i zadaniami stawianymi bioinformatyce.

Cel 2 Zapoznanie z narzędziami matematycznymi i informatycznymi wykorzystywanymi do przetwarzania i analizy danych z zakresu biologii molekularnej.

Cel 3 Zapoznanie z technikami programowania algorytmów analizy danych biologicznych.

4 WYMAGANIA WSTĘPNE W ZAKRESIE WIEDZY, UMIEJĘTNOŚCI I INNYCH KOMPETENCJI

1 brak

5 EFEKTY KSZTAŁCENIA

EK1 Wiedza Posiada wiedzę na temat obszarów zastosowania bioinformatyki

EK2 Wiedza Ma wiedzę z obszaru biologii molekularnej

EK3 Wiedza Ma wiedzę na temat analiz przyrównawczych i ich wykorzystania do tworzenia drzew filogenetycznych

EK4 Umiejętności Potrafi samodzielnie na podstawie przekazanej wiedzy zaprojektować prosty algorytm przyrównujący sekwencje.

6 TREŚCI PROGRAMOWE

WYKŁAD		
LP	TEMATYKA ZAJĘĆ OPIS SZCZEGÓŁOWY BLOKÓW TEMATYCZNYCH	LICZBA GODZIN
W1	Wprowadzenie do bioinformatyki	2
W2	Podstawowe definicje: sekwencje białek, kwasów nukleinowych. Model ewolucji sekwencji kwasów nukleinowych.	2
W3	Biologiczne bazy danych	2
W4	Algorytmy przyrównania sekwencji (algorytmy wyczerpujące, heurystyczne)	3
W5	Podstawy filogenetyki	2
W6	Metody filogenetyczne analizy sekwencji	2
W7	Zaliczenie przedmiotu - test	2

PROJEKT		
LP	TEMATYKA ZAJĘĆ OPIS SZCZEGÓŁOWY BLOKÓW TEMATYCZNYCH	LICZBA GODZIN
P1	Wprowadzenie do programowania w języku Python.	4
P2	Tworzenie macierzy, pętli, instrukcji warunkowych i generowanie wykresów.	4
P3	Projektowanie struktury algorytmu przyrównania sekwencji z wykorzystaniem wybranej metody w języku Python.	2
P4	Realizacja algorytmu przyrównania w języku Python.	4

PROJEKT		
LP	TEMATYKA ZAJĘĆ OPIS SZCZEGÓŁOWY BLOKÓW TEMATYCZNYCH	LICZBA GODZIN
P5	Prezentacja projektu.	1

7 NARZĘDZIA DYDAKTYCZNE

N1 Wykłady

N2 Prezentacje multimedialne

N3 Ćwiczenia projektowe

8 OBCIĄŻENIE PRACĄ STUDENTA

FORMA AKTYWNOŚCI	ŚREDNIA LICZBA GODZIN NA ZREALIZOWANIE AKTYWNOŚCI
Godziny kontaktowe z nauczycielem akademickim, w tym:	
Godziny wynikające z planu studiów	30
Konsultacje przedmiotowe	6
Egzaminy i zaliczenia w sesji	1
Godziny bez udziału nauczyciela akademickiego wynikające z nakładu pracy studenta, w tym:	
Przygotowanie się do zajęć, w tym studiowanie zalecanej literatury	8
Opracowanie wyników	5
Przygotowanie raportu, projektu, prezentacji, dyskusji	10
SUMARYCZNA LICZBA GODZIN DLA PRZEDMIOTU WYNIKAJĄCA Z CAŁEGO NAKŁADU PRACY STUDENTA	60
SUMARYCZNA LICZBA PUNKTÓW ECTS DLA PRZEDMIOTU	2.00

9 SPOSOBY OCENY

OCENA FORMUJĄCA

F1 Test

F2 Projekt indywidualny

OCENA PODSUMOWUJĄCA

P1 Średnia ważona ocen formujących

WARUNKI ZALICZENIA PRZEDMIOTU

W1 Uzyskanie pozytywnej oceny z testu oraz zrealizowanego projektu

KRYTERIA OCENY

EFEKT KSZTAŁCENIA 1	
NA OCENĘ 3.0	Potrafi wskazać kluczowe obszary zastosowania bioinformatyki.
EFEKT KSZTAŁCENIA 2	
NA OCENĘ 3.0	Potrafi podać definicje białek, kwasów nukleinowych oraz określić przykładowy cel analizy ich sekwencji.
EFEKT KSZTAŁCENIA 3	
NA OCENĘ 3.0	Zna podstawowe metody analiz przyrównawczych, potrafi określić ich zalety i wady. Potrafi opisać sposób tworzenia drzew filogenetycznych.
EFEKT KSZTAŁCENIA 4	
NA OCENĘ 3.0	Potrafi samodzielnie zaprojektować i napisać w języku Python prosty algorytm przyrównania sekwencji.

10 MACIERZ REALIZACJI PRZEDMIOTU

EFEKT KSZTAŁCENIA	ODNIESIENIE DANEGO EFEKTU DO SZCZEGÓŁOWYCH EFEKTÓW ZDEFINIOWANYCH DLA PROGRAMU	CELE PRZEDMIOTU	TREŚCI PROGRAMOWE	NARZĘDZIA DYDAKTYCZNE	SPOSOBY OCENY
EK1		Cel 1	W1 W2	N1 N2	F1
EK2		Cel 2	W2 W3	N1 N2	F1
EK3		Cel 3	W4 W5 W6	N1 N2	F1
EK4		Cel 2 Cel 3	W7 P1 P2 P3 P4 P5	N3	F2 P1

11 WYKAZ LITERATURY

LITERATURA PODSTAWOWA

[1 | Xiong J. — *Podstawy bioinformatyki*Tytuł, Warszawa, 2011, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego

[2] Higgs P.G., Attwood T. K., — *Bioinformatyka i ewolucja molekularna*, Warszawa, 2008, PWN

12 INFORMACJE O NAUCZYCIELACH AKADEMICKICH

OSOBA ODPOWIEDZIALNA ZA KARTĘ

dr inż. Aneta, Iwona Gądek-Moszczak (kontakt: aneta.moszczak@gmail.com)

OSOBY PROWADZĄCE PRZEDMIOT

1 mgr inż. Adam Piwowarczyk (kontakt: adam.piwowarczyk@mech.pk.edu.pl)

13 ZATWIERDZENIE KARTY PRZEDMIOTU DO REALIZACJI

(miejscowość, data)

(odpowiedzialny za przedmiot)

(dziekan)

PRZYJMUJĘ DO REALIZACJI (data i podpisy osób prowadzących przedmiot)

.....