

Przedmiot: Elementy bioinformatyki
Kod przedmiotu: WTiCh/ISt/ICh/D1-10

1. Odpowiedzialny za przedmiot, jego miejsce zatrudnienia i e-mail:

dr inż. Magdalena Cudak,
Zakład Inżynierii Chemicznej i Procesów Reaktorowych, Instytut Inżynierii Chemicznej i
Procesów Ochrony Środowiska,
e-mail: cudak@ps.pl

2. Język wykładowy: polski

3. Liczba punktów: 2

4. Rodzaj studiów, kierunek, specjalność: studia II stopnia, stacjonarne, kierunek Inżynieria Chemiczna i Procesowa, specjalność Informatyka procesowa

5. Status przedmiotu dla ww. studiów: obowiązkowy

6. Informacje o formach zajęć:

Sem.	Pkt	Wykład		Zajęcia praktyczne							
				Seminarium		Ćw/ćw. komp.		Laboratorium		Projekt	
		G/sem	F.z.	G/sem	F.z.	G/sem	F.z.	G/sem	F.z.	G/sem	F.z.
II	2	15	Z			15	Z				
Waga		1.0				0.7					

Objaśnienia: Pkt – liczba punktów, G/sem. – liczba godzin w semestrze, F.z. – forma zaliczenia zajęć (E – egzamin, Z – zaliczenie). Ćw. komp – zajęcia w formie ćwiczeń, na stanowiskach komputerowych

7. Wymagane zaliczenie przedmiotów poprzedzających (lub określenie wymaganej wiedzy):

Technologia informacyjna, Informatyka i programowanie, Bioprocessy i aparaty

8. Program wykładów

Bioinformatyka – podstawowe definicje. Podział bioinformatyki. Pobieranie informacji z biologicznych baz danych. Projektowanie, zarządzanie i integracja baz danych. Projektowanie powiązań między bazami danych. Wyszukiwanie, analizowanie i symulacja danych biologicznych. Bazy danych struktur biomolekularnych. Perl jako narzędzie ułatwiające analizę biologiczną. Tworzenie systemów bibliotecznych. Mapowanie genomów. Analiza filogenetyczna. Wizualizacja informacji strukturalnych. Metody projektowania *in silico*. Tworzenie sieci metabolicznych.

9. Program zajęć praktycznych

Model danych NCBI. Podział baz danych (GenBank, EMBL, DDBJ). Analiza baz danych struktur biomolekularnych - PDB, MMDB. Interpretacja pliku GenBank. Bazy sekwencji poza NCBI. Przeszukiwanie baz danych. Dopasowanie sekwencji i przeszukiwanie baz danych - programy FASTA i BLAST. Pobieranie informacji – system Entrez. Program EXPASY. Podstawowe zasady modeli filogenetycznych – interpretacja drzewa.

10. Literatura

1. S. Ignacimuthu, Basic Bioinformatics, Alfa Science International Ltd., Harrow, U.K., 2005
2. Baxevanis A.D., Ouellette B.F.F.: Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek, PWN, Warszawa, 2004.
3. Brown S.M.: Bioinformatics: A Biologist's Guide to Biocomputing and the Internet, Eaton Publishing, Natick, MA, USA, 2000.
4. Lesk A.M.: Introduction to Bioinformatics, Oxford University Press, 2002
5. Misener S., Krawetz S.A.: Bioinformatics Methods and Protocols, Humana Press, 2000
6. Źródło internetowe: www.ncbi.nlm.nih.gov
7. Źródło internetowe: www.ebi.ac.uk
8. Źródło internetowe: www.ddbj.nig.ac.jp
9. Źródło internetowe: www.softberry.com
10. Źródło internetowe: www.expasy.org