Karta przedmiotu

Informacje ogólne o przedmiocie	
1. Kierunek studiów: Biotechnologia medyczna	**2. Poziom kształcenia:** studia pierwszego stopnia **3. Forma studiów:** stacjonarne
4. Rok: II	**5. Semestr:** IV
6. Nazwa modułu: Moduł molekularno-biochemiczny **Nazwa przedmiotu:** Molekularne bazy danych	
7. Status przedmiotu: przedmiot do wyboru	
8. Jednostka realizująca przedmiot: Zakład Biotechnologii i Inżynierii Genetycznej 41-200 Sosnowiec ul. Jedności 8 tel. 32 364 12 73 http://biotechnologia.sum.edu.pl/	
9. Prowadzący przedmiot (imię, nazwisko, adres e-mail): dr hab. n. med. Ilona Bednarek, dribednarek@sum.edu.pl	
10. Cel kształcenia: Przedmiot ma na celu zapoznanie słuchaczy z podstawowymi bazami danych oraz narzędziami informatycznymi niezbędnymi w pracy biotechnologa oraz wypracowanie umiejętności i kompetencje w zakresie korzystania z literatury fachowej i oprogramowania specjalistycznego umożliwiającego przygotowanie bioinformatyczne studentów do planowania i analizowania wyników badań eksperymentalnych.	
11. Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i innych kompetencji: Znajomość języka angielskiego w stopniu średniozaawansowanym. Znajomość podstawowych procesów związanych z kodowaniem i ekspresją informacji genetycznej w komórkach. Znajomość technik: reakcji PCR, RT-PCR, elektroforezy DNA, klonowanie DNA.	

12. Efekty kształcenia

Numer efektu kształcenia	Efekty kształcenia Student, który zaliczył przedmiot:	Odniesienie do efektów kształcenia dla programu	Odniesienie do efektów kształcenia dla obszaru
01	Wprowadzenie do portalu baz danych National Center for Biotechnology Information (NCBI) jako podstawowego narzędzia pracy biotechnologa. Umiejętność poruszania się w portalu i znajomość przeznaczenia poszczególnych baz do różnych aplikacji.	K1_W45, K1_W46, K1_U22, K1_U23, K1_K01, K1_K02	M1_U06, M1_U06, M1_K01, M1_K02
02	Umiejętność korzystania z bazy publikacji medycznych i naukowych PubMed ze szczególnym uwzględnieniem zaawansowanych kryteriów wyszukiwania. Umiejętność korzystania z Journal Citation Reports w celu dokonania oceny siły oddziaływania publikacji i czasopism (Impact factor).	K1_W45, K1_W46, K1_U22, K1_U23, K1_U49, K1_K01, K1_K02	M1_U06, M1_U06, M1_U14, M1_K01, M1_K02
03	Umiejętność korzystania z bazy podręczników Bookshelf ze szczególnym uwzględnieniem zaawansowanych kryteriów wyszukiwania informacji, rycin i tabel.	K1_W45, K1_W46, K1_U22, K1_U23, K1_U49, K1_K01, K1_K02	M1_U06, M1_U06, M1_U14, M1_K01, M1_K02
04	Umiejętność korzystania z bazy terminów medycznych	K1_W45,	M1_U06,

	MeSH.	K1_W46, K1_U22, K1_U23, K1_U49, K1_K01, K1_K02	M1_U06, M1_U14, M1_K01, M1_K02
05	Umiejętność wykorzystania bazy Genbank do precyzyjnego poszukiwania sekwencji DNA, RNA i białek. Umiejętność interpretowania informacji zawartych w rekordach w celu pozyskania szczegółowej wiedzy dotyczącej budowy genu i białka.	K1_W06, K1_W16, K1_W46, K1_K01, K1_K02	M1_W01, M1_W03, M1_K01, M1_K02
06	Umiejętność wykorzystania narzędzia informatycznego BLAST do porównywania przykładowych sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych z sekwencjami zarejestrowanymi w bazie NCBI. Umiejętność wyszukiwania obszarów homologicznych i różnicujących w sekwencjach. Prowadzenie międzygatunkowych analiz porównawczych sekwencji. Prowadzenie porównań wielu sekwencji jednocześnie w oparciu o narzędzia informatyczne dostępne w portalu EMBOSS (The European Molecular Biology Open Software Suite).	K1_W06, K1_W16, K1_W46, K1_K01, K1_K02	M1_W01, M1_W03, M1_K01, M1_K02
07	Umiejętność projektowania starterów i sond do reakcji PCR z wykorzystaniem aplikacji PRIMER-BLAST. Sprawdzanie specyficzności projektowanych oligonukleotydów.	K1_W46, K1_U23, K1_K01, K1_K02	M1_U06, M1_K01, M1_K02
08	Umiejętność przeprowadzenia analizy restrykcyjnej sekwencji DNA w oparciu o narzędzie informatyczne NEBcutter V2.0. Zdolność prognozowania oczekiwanych wyników rozdziału elektroforetycznego fragmentów DNA poddanych restrykcji.	K1_W46, K1_U23, K1_K01, K1_K02	M1_U06, M1_K01, M1_K02

13. Formy zajęć w odniesieniu do efektów kształcenia

Numer efektu kształcenia	Forma zajęć dydaktycznych					
	wykład	seminarium	ćwiczenia laboratoryjne	ćwiczenia praktyczne	inne	e-learning
01				x		
02				x		
03				x		
04				x		
05				x		
06				x		
07				x		
08				x		

14. Treści programowe

14.1. Forma zajęć: ćwiczenia		**Liczba godzin**
C1	Wprowadzenie do portalu baz danych National Center for Biotechnology Information (NCBI)	2
C2	Wykorzystanie bazy PubMed do poszukiwania i selektywnego przeszukiwania publikacji medycznych i naukowych	4
C3	Wykorzystanie bazy Bookshelf do zdobywania wiedzy podstawowej i poszerzania wiedzy w oparciu o podręczniki z dziedziny nauk	2

	medycznych i biomedycznych.	
C4	Wykorzystanie bazy terminów medycznych MeSH do objaśniania skrótów, wyjaśniania podstawowych i specjalistycznych pojęć, przeszukiwania bazy publikacji przy użyciu słów kluczowych	2
C5	Wykorzystanie bazy Journal Citation Reports w celu dokonania oceny siły oddziaływania publikacji i czasopism	1
C6	Wykorzystanie bazy Genbank do poszukiwania sekwencji DNA, RNA i białek. Interpretacja i wykorzystanie informacji dotyczących poszukiwanej sekwencji	5
C7	Wykorzystanie narzędzia informatycznego BLAST do porównywania sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych. Wykorzystanie narzędzia informatycznego dostępnego w portalu EMBOSS do porównywania sekwencji	5
C8	Wykorzystanie aplikacji PRIMER-BLAST do projektowania starterów i sond do reakcji PCR i QPCR.	5
C9	Wykorzystanie narzędzia informatycznego NEBcutter V2.0 do analizy restrykcyjnej sekwencji DNA.	4
Łącznie		**30**
Łączna liczba godzin z przedmiotu		**30**

15. Metody kształcenia

15.1. Ćwiczenia praktyczne	Pogadanka, klasyczna metoda problemowa, metoda przypadków, metody sytuacyjne, metody ćwiczebne, praca z oprogramowaniem

16. Sposoby weryfikacji efektów kształcenia i sposoby oceny

Numer efektu kształcenia	Sposoby weryfikacji	Warunki zaliczenia
01 - 09	Kolokwia pisemne – zadaniowe z wykorzystaniem komputera i internetowych baz danych	wymagane >50% poprawnych odpowiedzi

17. Obciążenie pracą studenta

Forma aktywności	Przeciętna liczba godzin na zrealizowanie aktywności	
Godziny kontaktowe z nauczycielem akademickim:	udział w ćwiczeniach	30
	konsultacje	1
	łącznie	**31**
Samodzielna praca studenta	przygotowanie do ćwiczeń	30
	przygotowanie do kolokwiów	4
	przygotowanie do testu zaliczeniowego	4
	łącznie	**38**
Łącznie		**69**
Sumaryczna liczba punktów ECTS dla przedmiotu		**3**

18. Sumaryczne wskaźniki charakteryzujące przedmiot

Liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich	1
Liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje w ramach zajęć o charakterze praktycznym	1

19. Literatura

19.1. Podstawowa

Instrukcje baz danych dostępne w każdej bazie internetowej

19.2. Uzupełniająca

National Center for Biotechnology Information (US) . NCBI Help Manual [Internet]. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US); 2005-.
http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK3831

20. Inne przydatne informacje o przedmiocie	
20.1. Liczebność grup	Ustalana zarządzeniami J.M. Rektora
20.2. Materiały do zajęć	Rozpiski do zajęć umieszczane na stronie Zakładu: http://biotechnologia.sum.edu.pl (zakładka: studenci)
20.3. Miejsce odbywania się zajęć	sala ćwiczeń Zakładu Biotechnologii i Inżynierii Genetycznej/dydaktyczna pracownia komputerowa Wydziału
20.4. Miejsce i godzina konsultacji	Zakład Biotechnologii i Inżynierii Godziny konsultacyjne ustalone przez studentów z prowadzącym zajęcia
20.5. Inne	Bieżące ogłoszenia na stronie Zakładu: http://biotechnologia.sum.edu.pl (zakładka: studenci)

21. Formy oceny – szczegóły				
Efekt	Na ocenę 2	Na ocenę 3	Na ocenę 4	Na ocenę 5
Efekt 01	Student nie potrafi poruszać się pomiędzy różnymi bazami danych, nie wie do czego służą omawiane bazy, nie wie jaka jest struktura i idea portalu NCBI	Student potrafi poruszać się pomiędzy różnymi bazami danych, ma ograniczoną wiedzę co do przeznaczenia omawianych baz, nie wie jaka jest struktura i idea portalu NCBI	Student potrafi poruszać się pomiędzy różnymi bazami danych, wie jakie jest przeznaczenie większości omawianych baz, wie jaka jest struktura NCBI. Potrafi wyszukiwać hasła w ogólnej wyszukiwarce.	Student potrafi poruszać się pomiędzy różnymi bazami danych, wie jakie jest przeznaczenie wszystkich omawianych baz, wie jaka jest struktura i idea NCBI. Potrafi wyszukiwać hasła w ogólnej wyszukiwarce i odpowiedzieć jakiego typu rekordy ona zwraca.
Efekt 02	Student nie potrafi skorzystać z bazy PubMed ani Journal Citation Reports lub potrafi wprowadzić hasło do wyszukiwarki ale nie rozumie sensu otrzymanych wyników.	Student potrafi ogólnie wyszukiwać hasła w bazach PubMed i Journal Citation Reports, rozumie sens otrzymanych wyników z niewielką pomocą prowadzącego.	Student potrafi szczegółowo wyszukiwać hasła w bazach PubMed i Journal Citation Reports, zawężając kryteria wyszukiwania, rozumie sens otrzymanych wyników.	Student potrafi wyszukiwać hasła w bazach PubMed i Journal Citation Reports, zawężając kryteria wyszukiwania, stosując kryteria zaawansowane i filtrując wyniki, rozumie sens otrzymanych wyników.
Efekt 03	Student nie potrafi skorzystać z bazy Bookshelf lub potrafi wprowadzić hasło do wyszukiwarki ale nie rozumie sensu otrzymanych wyników.	Student potrafi ogólnie wyszukiwać hasła w bazie Bookshelf, rozumie sens otrzymanych wyników z niewielką pomocą prowadzącego.	Student potrafi szczegółowo wyszukiwać hasła w bazie Bookshelf, zawężając kryteria wyszukiwania, potrafi dotrzeć do poszukiwanej definicji lub opisu.	Student potrafi szczegółowo wyszukiwać hasła w bazie Bookshelf, zawężając kryteria wyszukiwania, stosując filtry i kryteria zaawansowane, potrafi dotrzeć do poszukiwanej definicji, opisu, ryciny i tabeli.
Efekt 04	Student nie potrafi skorzystać z bazy	Student potrafi wyszukiwać hasła	Student potrafi wyszukiwać hasła w	Student potrafi wyszukiwać hasła w bazie

	MeSH lub potrafi wprowadzić hasło do wyszukiwarki ale nie rozumie sensu otrzymanych wyników.	w bazie MeSH, rozumie sens otrzymanych wyników z niewielką pomocą prowadzącego.	bazie MeSH, potrafi dotrzeć do poszukiwanej definicji i zinterpretować kontekst pojęcia w hierarchii pojęć pokrewnych.	MeSH, potrafi dotrzeć do poszukiwanej definicji, zinterpretować kontekst pojęcia w hierarchii pojęć pokrewnych i wykorzystać do wyniki do przeszukiwania bazy PubMed.
Efekt 05	Student nie potrafi skorzystać z bazy Genbank lub potrafi wprowadzić hasło do wyszukiwarki ale nie rozumie sensu otrzymanych wyników.	Student potrafi odnaleźć wymaganą sekwencję nukleotydową lub białkową, w ograniczony sposób jest w stanie zinterpretować opis sekwencji.	Student potrafi odnaleźć wymaganą sekwencję nukleotydową lub białkową, rozumie opis sekwencji.	Student potrafi odnaleźć wymaganą sekwencję nukleotydową lub białkową, rozumie opis sekwencji, potrafi na jego podstawie omówić budowę cząsteczki DNA, RNA i białka.
Efekt 06	Student nie potrafi porównywać sekwencji w bazie BLAST, nie rozumie różnic pomiędzy różnymi narzędziami bazy.	Student potrafi porównywać sekwencje w bazie BLAST, zna różnice pomiędzy różnymi narzędziami bazy. Potrafi zinterpretować wyniki analizy z pomocą prowadzącego.	Student potrafi porównywać sekwencje w bazie BLAST, zna różnice pomiędzy różnymi narzędziami bazy i potrafi je zastosować. Potrafi zinterpretować wyniki analizy.	Student potrafi porównywać sekwencje w bazie BLAST oraz narzędzie „showalign” w bazie Emboss. Potrafi zinterpretować wyniki analizy.
Efekt 07	Student nie potrafi zastosować aplikacji PRIMER-BLAST.	Student potrafi zastosować aplikację PRIMER-BLAST do zaprojektowania dowolnej pary starterów. Potrafi scharakteryzować otrzymane wyniki.	Student potrafi zastosować aplikację PRIMER-BLAST do zaprojektowania pary starterów i sond spełniających określone wymagania. Potrafi scharakteryzować otrzymane wyniki.	Student potrafi zastosować aplikację PRIMER-BLAST do zaprojektowania pary starterów i sond spełniających określone wymagania. Potrafi scharakteryzować otrzymane wyniki i przeprowadzić analizę specyficzności zaprojektowanych oligonukleotydów.
Efekt 08	Student nie potrafi zastosować aplikacji NEBcutter V2.0.	Student potrafi zastosować aplikację NEBcutter V2.0 i z pomocą prowadzącego ogólnie scharakteryzować analizę restrykcyjną.	Student potrafi zastosować aplikację NEBcutter V2.0 i szczegółowo scharakteryzować analizę restrykcyjną. Potrafi prognozować wynik rozdziału elektroforetycznego.	Student potrafi zastosować aplikację NEBcutter V2.0 i szczegółowo scharakteryzować analizę restrykcyjną i przeprowadzić analizę zgodnie z narzuconymi wytycznymi. Potrafi prognozować wynik rozdziału

				elektroforetycznego.