

| | | |
|-----|---|---|
| 1. | Nazwa przedmiotu/modułu w języku polskim Genomika | |
| 2. | Nazwa przedmiotu/modułu w języku angielskim Genomics | |
| 3. | Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii | |
| 4. | Kod przedmiotu/modułu 29-BT-S2-E1-GENKAc | |
| 5. | Rodzaj przedmiotu/modułu (<i>obowiązkowy lub fakultatywny</i>) Obowiązkowy | |
| 6. | Kierunek studiów Biotechnologia | |
| 7. | Poziom studiów (<i>I lub II stopień lub jednolite studia magisterskie</i>) II stopień | |
| 8. | Rok studiów (<i>jeśli obowiązuje</i>) I rok | |
| 9. | Semestr (<i>zimowy lub letni</i>) Zimowy | |
| 10. | Forma zajęć i liczba godzin Ćwiczenia: 45 godzin | |
| 11. | Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy osoby prowadzącej zajęcia Dr hab. Paweł Mackiewicz | |
| 12. | Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu/modułu oraz zrealizowanych przedmiotów Zaliczony kurs informatyki (obsługi komputera). Podstawowe informacje i zaliczone kursy z genetyki i biologii molekularnej oraz dobra znajomość języka angielskiego. | |
| 13. | Cele przedmiotu Nauczenie się rozwiązywania różnych problemów z dziedziny biologii molekularnej, genomiki i filogenetyki molekularnej w oparciu o narzędzia bioinformatyczne; nabycie umiejętności korzystania z różnych baz danych i posługiwania się programami i narzędziami do analizy sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, tworzenia przyrównań sekwencji i poszukiwania sekwencji podobnych w bazach; poznanie procedur analiz filogenetycznych – tworzenia drzew i ich oceny; nauczenie się analiz w skali całego genomu i wnioskowania o na tej podstawie o ich organizacji i ewolucji | |
| 14. | Zakładane efekty kształcenia Wiedza: Student zna podstawowe bazy danych dotyczące genów, białek i genomów. Rozumie teoretyczne i praktyczne podstawy analiz bioinformatycznych na różnych poziomach organizacji informacji | K2_W01, K2_W03, K2_W06, K2_U01, K2_U02, K2_U03, K2_U05, K2_U07, K2_K01, K2_K05, K2_K07 |

| | <p>biologicznej: DNA, RNA i białek. Wie, na czym polegają analizy genomowe i filogenetyczne.</p> <p>Umiejętności: Student potrafi korzystać z biologicznych baz danych oraz obsługiwać podstawowe programy i narzędzia bioinformatyczne analizujące sekwencje DNA, RNA, białek, poszukujące sekwencji podobnych, wykonujące przyrównania sekwencji, przewidujące struktury i wykonujące analizy filogenetyczne. Student właściwie interpretuje uzyskane wyniki tych analiz. Potrafi zaplanować analizy bioinformatyczne i dobrać odpowiednie programy do postawionego problemu.</p> <p>Kompetencje personalne (postawy): Student jest chętny do poszerzania swojej wiedzy przez poszukiwanie dodatkowych narzędzi bioinformatycznych w internecie oraz jest świadomy potrzeby ciągłego aktualizowania wiedzy w szybko rozwijającej się dziedzinie bioinformatyki.</p> | | | | | | | | | | | |
|--|---|---------------------------|---|--|----|--|----|-------------|----|---------------------|---|--|
| 15. | <p>Treści programowe</p> <p>Podstawowe zagadnienia z dziedziny genomiki, bioinformatyki i filogenetyki molekularnej; rodzaje genomowych i bioinformatycznych baz danych; programy i narzędzia do analiz sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, rozpoznawania sekwencji kodujących białko, przyrównania par i wielu sekwencji oraz poszukiwania sekwencji podobnych w bazach danych przy pomocy różnych algorytmów; programy i metody konstrukcji i oceny drzew filogenetycznych; narzędzia do analiz genomowych.</p> | | | | | | | | | | | |
| 16. | <p>Zalecana literatura (<i>podręczniki</i>)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. P.G. Higgs, T.K. Attwood. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, 2008 2. J.-M. Claverie, C. Notredame. Bioinformatics For Dummies. Wiley Publishing, Inc. 2006. 3. A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette (red.) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Wiley-Liss, Inc. 2005 (lub wersja tłumaczona na język polski wydana przez PWN, 2004) 4. Informacje dostępne na stronach internetowych baz danych i stronach związanych z genomiką i bioinformatyką. | | | | | | | | | | | |
| 17. | <p>Forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu/modułu, sposób sprawdzenia osiągnięcia zamierzonych efektów kształcenia:</p> <p>Ćwiczenia: Zajęcia praktyczne przy komputerze – wykonanie zleconych zadań; pisemny półtest</p> | | | | | | | | | | | |
| 18. | <p>Język wykładowy</p> <p>Polski</p> | | | | | | | | | | | |
| 19. | <p>Obciążenie pracą studenta</p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Forma aktywności studenta</th> <th>Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - ćwiczenia:</td> <td>45</td> </tr> <tr> <td>Praca własna studenta: - przygotowanie do zaliczenia:</td> <td>20</td> </tr> <tr> <td>Suma godzin</td> <td>65</td> </tr> <tr> <td>Liczba punktów ECTS</td> <td>3</td> </tr> </tbody> </table> | Forma aktywności studenta | Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności | Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - ćwiczenia: | 45 | Praca własna studenta: - przygotowanie do zaliczenia: | 20 | Suma godzin | 65 | Liczba punktów ECTS | 3 | |
| Forma aktywności studenta | Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności | | | | | | | | | | | |
| Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - ćwiczenia: | 45 | | | | | | | | | | | |
| Praca własna studenta: - przygotowanie do zaliczenia: | 20 | | | | | | | | | | | |
| Suma godzin | 65 | | | | | | | | | | | |
| Liczba punktów ECTS | 3 | | | | | | | | | | | |