

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-GENKA	
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 Wykład: 15 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 Podstawowe informacje i zaliczone kursy z genetyki i biologii molekularnej oraz dobra znajomość języka angielskiego.	
13.	Cele przedmiotu Poznanie podstawowych zagadnień z dziedziny genomiki i bioinformatyki oraz związanych z nimi baz danych; zrozumienie idei algorytmów i metod stosowanych w analizach sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych w skali genomowej, przeszukiwaniu baz w celu znalezienia sekwencji podobnych; poznanie różnych metod i algorytmów analiz filogenetycznych; zrozumienie związku między organizacją genomów a ich ewolucją	
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 biologicznej: DNA, RNA i białek. Wie, na czym polegają analizy genomowe, mikromacierzowe i	K2_W01, K2_W03, K2_W06, K2_U01, K2_U02, K2_U03, K2_U05, K2_U07, K2_K01, K2_K05, K2_K07

	<p>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, filogenetyki molekularnej; rodzaje genomowych i bioinformatycznych baz danych; komputerowe identyfikowanie sekwencji kodujących białko; transkryptomika - metody mikromacierzy; przyrównanie par i wielu sekwencji; poszukiwanie sekwencji podobnych w bazach danych przy pomocy różnych algorytmów; komputerowa analiza sekwencji białkowych; metody konstrukcji i ocena drzew filogenetycznych; analizy genomów - genomika porównawcza; ewolucja genomów.</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>wykład: Egzamin 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: - wykład:</td> <td>15</td> </tr> <tr> <td>Praca własna studenta: - przygotowanie do egzaminu:</td> <td>20</td> </tr> <tr> <td>Suma godzin</td> <td>35</td> </tr> <tr> <td>Liczba punktów ECTS</td> <td>2</td> </tr> </tbody> </table>	Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności	Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - wykład:	15	Praca własna studenta: - przygotowanie do egzaminu:	20	Suma godzin	35	Liczba punktów ECTS	2	
Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności											
Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - wykład:	15											
Praca własna studenta: - przygotowanie do egzaminu:	20											
Suma godzin	35											
Liczba punktów ECTS	2											