

SYLABUS PRZEDMIOTU NA STUDIACH WYŻSZYCH

1.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku polskim: Zaawansowane analizy statystyczne
2.	Język wykładowy: język polski
3.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
4.	Kod przedmiotu/modułu: 29-BT-S2-E1-BiG 29-BT-S2-E1-BiGc
5.	Rodzaj przedmiotu/modułu: obowiązkowy
6.	Kierunek studiów (specjalność): Biotechnologia (Bioinformatyka)
7.	Poziom studiów: II stopień
8.	Rok studiów: I rok
9.	Semestr: zimowy
10.	Forma zajęć i liczba godzin: wykład, 30 godz. ćwiczenia komputerowe, 60 godz.
11.	Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy osoby prowadzącej zajęcia: Prof. dr hab. Paweł Mackiewicz
12.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu/modułu: <ul style="list-style-type: none"> • wiedza i umiejętności z zakresu informatyki, genetyki i biologii molekularnej oraz dobra znajomość j. angielskiego
13.	Cele przedmiotu <p>Głównym celem zajęć jest poznanie i zrozumienie podstawowych zagadnień z dziedziny genomiki, bioinformatyki, transkryptomiki i proteomiki oraz związanych z nimi baz danych.</p>

14.	<p>Treści programowe (wykład i ćwiczenia):</p> <ul style="list-style-type: none"> • podstawowe zagadnienia z dziedziny genomiki i bioinformatyki oraz związane z nimi bazy danych; • idea algorytmów i metod komputerowych stosowanych w analizach sekwencji nukleotydowych w skali genomowej: identyfikowanie sekwencji kodujących białko i analizy sekwencji RNA; • podstawy transkryptomiki: analiza bioinformatyczna profilu ekspresji, metody analiz i przykłady zastosowań mikromacierzy w biologii i medycynie; • organizacja genomów, metody służące do ich analizy, bazy genomowe, genomika porównawcza; • algorytmy i metody komputerowej analizy sekwencji białkowych na poziomie struktury pierwszorzędowej, drugorzędowej i trzeciorzędowej; tłumaczenie sekwencji nukleotydowej na aminokwasową, określanie podstawowych właściwości fizykochemicznych białka, komputerowe trawienie białka, poszukiwanie regionów transbłonowych, modyfikacje potranslacyjne białek, określanie lokalizacji subkomórkowej białek, poszukiwanie motywów i domen w białku, określanie struktury drugorzędowej białka, wykonywanie przyrównań strukturalnych, przewidywanie struktur przestrzennych; • bazy struktur przestrzennych (PDB), klasyfikacja strukturalna białek oraz programy do oglądania struktur przestrzennych. 	
15.	<p>Zakładane efekty kształcenia:</p> <p>Student:</p> <ul style="list-style-type: none"> • zna podstawowe i specjalistyczne bazy danych dotyczące genów, białek i genomów; • zna i rozumie teoretyczne i praktyczne podstawy analiz bioinformatycznych na różnych poziomach organizacji informacji biologicznej: DNA, RNA i białek oraz genomów; • wie, na czym polegają analizy genomowe i mikromacierzowe oraz przewidywanie struktur cząsteczek; • potrafi korzystać z biologicznych baz danych oraz obsługiwać podstawowe i specjalistyczne programy i narzędzia bioinformatyczne analizujące sekwencje DNA, RNA, białek, poszukujące sekwencji podobnych, wykonujące przyrównania sekwencji, przewidujące struktury i wykonujące analizy genomowe; właściwie interpretuje uzyskane wyniki tych analiz; • potrafi zaplanować analizy bioinformatyczne i 	<p>Symbole odpowiednich kierunkowych efektów kształcenia:</p> <p>K_W01, K_W03, K_W06</p> <p>K_U01, K_U02, K_U03, K_U05, K_U07</p>

	<p>dobrac odpowiednie programy do postawionego problemu;</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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. 	K_K01, K_K05, K_K07
16.	<p>Literatura obowiązkowa:</p> <ul style="list-style-type: none"> • materiały udostępnione przez prowadzącego <p>Literatura zalecana:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Higgs PG., Attwood TK., Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN; • Claverie JM., Notredame . Bioinformatics For Dummies. Wiley Publishing, Inc. • Baxevanis AD., Ouellette BFF. (red.) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Wiley-Liss, Inc. • Baxevanis AD., Ouellette BFF. (red.) Bioinformatyka – podręcznik do analizy genów i białek, PWN; • informacje dostępne na stronach internetowych baz danych i stronach związanych z genomiką i bioinformatyką. 	
17.	<p>Metody weryfikacji zakładanych efektów kształcenia:</p> <ul style="list-style-type: none"> • wykład: egzamin pisemny • ćwiczenia komputerowe: zadania praktyczne do wykonania podczas zajęć, test 	
18.	<p>Warunki i forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu/modułu:</p> <ul style="list-style-type: none"> • pozytywna ocena z egzaminu • pozytywna ocena pracy podczas zajęć oraz testu 	
19.	Nakład pracy studenta:	
	forma działań studenta	liczba godzin na realizację działań
	Zajęcia (wg planu studiów) z prowadzącym:	
	<ul style="list-style-type: none"> • wykład • ćwiczenia komputerowe 	<p>30</p> <p>60</p>
	praca własna studenta (w tym udział w pracach grupowych):	
<ul style="list-style-type: none"> • czytanie wskazanej literatury i materiałów • przygotowanie do zajęć • zadania praktyczne • przygotowanie do zaliczenia • przygotowanie do egzaminu 	80	
	łącznie liczba godzin:	170

	Liczba punktów ECTS: <ul style="list-style-type: none">• wykład• ćwiczenia komputerowe	4 3
--	-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	----------------------