|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć: | | Bioinformatyka | | | | | | | | ECTS | **2** |
| Nazwa zajęć w j. angielskim: | | Bioinformatics | | | | | | | | | |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | | Bioinżynieria zwierząt | | | | | | | | | |
|  | |  | | | | | | | | | |
| Język wykładowy: | | polski | | | | Poziom studiów: | | | I | | |
| Forma studiów: | ⌧stacjonarne  🞎 niestacjonarne | Status zajęć: | ⌧ podstawowe  🞎 kierunkowe | ⌧ obowiązkowe  🞎 do wyboru | | Numer semestru: 4 | | | 🞎 semestr zimowy ⌧ semestr letni | | |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik): | | | | 2020/2021 | Numer katalogowy: | | WNZ-BW-1S-04L-01\_19 | | |
|  | | | | | | | | | | | |
| Koordynator zajęć: | | Dr Wioleta Drobik-Czwarno | | | | | | | | | |
| Prowadzący zajęcia: | | Pracownicy Katedry Genetyki i Ochrony Zwierząt oraz Katedry Nauk Przedklinicznych  Dr hab. Piotr Bąska, mgr Karol Puchała | | | | | | | | | |
| Jednostka realizująca: | | Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt oraz Katedra Nauk Przedklinicznych (WMW) | | | | | | | | | |
| Jednostka zlecająca: | | Wydział Hodowli, Bioinżynierii i Ochrony Zwierząt | | | | | | | | | |
| Założenia, cele i opis zajęć: | | **Cele przedmiotu**: Zajęcia mają przybliżyć studentom podstaw korzystania z bioinformatycznych baz danych i podstawowych narzędzi obliczeniowych.  **Tematyka zajęć**: Bazy danych i programy ułatwiające pracę w laboratorium: projektowanie starterów do reakcji PCR; projektowanie sond i starterów do reakcji RT PCR; dobór enzymów restrykcyjnych. Bazy danych i programy umożliwiające pracę z sekwencją kwasu nukleinowego lub strukturą białkową: formaty danych biologicznych spotykane w bazach danych; rodzaje baz danych kwasów nukleinowych, struktur białkowych, genomów; inne biologiczne, genetyczne, medyczne bazy danych; identyfikacja i określenie homologii kwasów nukleinowych i białek; wyznaczanie i przewidywanie ramki odczytu; wykorzystanie bibliotek EST; składanie sekwencji. Programy umożliwiające ilościową analizę danych: obliczanie frekwencji genów, genotypów, liczby alleli efektywnych, przewidywanie wystąpienia alleli zerowych, szacowanie heterozygotyczności i stopnia polimorfizmu; identyfikacja genotypów złożonych | | | | | | | | | |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | | LC - ćwiczenia laboratoryjne (pracownia komputerowa), liczba godzin 30 | | | | | | | | | |
| Metody dydaktyczne: | | Praca z komputerem; prezentacje, prace domowe, konsultacje | | | | | | | | | |
| Wymagania formalne  i założenia wstępne: | | Wiedza z przedmiotów: genetyka zwierząt, technologia informacyjna | | | | | | | | | |
| Efekty uczenia się: | | Wiedza:  W1 - podstawowe pojęcia związane z bioinformatyką  W2 - dostępne w Internecie biomolekularne bazy danych | | | Umiejętności:  U1 - narzędziami bioinformatycznymi lokalizację genów i przewiduje ich produkty białkowe  U2 - posługiwać się prostymi modelami graficznymi i matematycznymi | | | Kompetencje:  K1– potrzebę stosowania metod matematycznych i informatycznych dla wyjaśnienia i opisu praw świata, w którym żyje | | | |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | | 1. 2 kolokwia wykonywane zdalnie lub stacjonarnie (w tym samym czasie), każde kolokwium może być jeden raz poprawiane zdalnie (na kamerach) lub stacjonarnie w tym samym – wyznaczonym wcześniej czasie 2. Zaliczenie stacjonarnie | | | | | | | | | |
| Forma dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się: | | Kolokwia – pliki w formie pdf lub  Zaliczenie – forma doc. | | | | | | | | | |
| Elementy i wagi mające wpływ  na ocenę końcową: | | 1 - 40%; 2 - 60% | | | | | | | | | |
| Miejsce realizacji zajęć: | | Pracowania komputerowa lub platforma MS Teams | | | | | | | | | |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca:  • Baxevanis A.D., Ouellett B.F.F., Bioinformatyka, 2004, PWN, ISBN 83-01-14211-1  • Weir B.S., Genetic data analysis, 1996 i następne , Sinauer Associates, Inc. Publishers, ISBN 0-87893-902-4 | | | | | | | | | | | |
| UWAGI | | | | | | | | | | | |

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot:

|  |  |
| --- | --- |
| Szacunkowa sumaryczna liczba godzin pracy studenta (kontaktowych i pracy własnej) niezbędna dla osiągnięcia zakładanych dla zajęć efektów uczenia się - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS: | **60 h** |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | **1 ECTS** |

Tabela zgodności kierunkowych efektów uczenia się z efektami przedmiotu:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| kategoria efektu | Efekty uczenia się dla zajęć: | Odniesienie do efektów dla programu studiów dla kierunku | Oddziaływanie zajęć na efekt kierunkowy\*) |
| Wiedza – W1 | podstawowe pojęcia związane z bioinformatyką | K\_W05 | 2 |
| Wiedza – W2 | dostępne w Internecie biomolekularne bazy danych | K\_W05, K\_W07 | 2, 2 |
| Umiejętności – U1 | narzędziami bioinformatycznymi lokalizację genów i przewiduje ich produkty białkowe | K\_U01, K\_U03, K\_U05 | 2, 2, 2 |
| Umiejętności – U2 | posługiwać się prostymi modelami graficznymi i matematycznymi | K\_U03, K\_U05, K\_U13 | 2, 2, 2 |
| Kompetencje – K1 | potrzebę stosowania metod matematycznych i informatycznych dla wyjaśnienia i opisu praw świata, w którym żyje | K\_K01, K\_K02 | 2, 2 |

\*)

3 – zaawansowany i szczegółowy,

2 – znaczący,

1 – podstawowy,