|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 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 PrzedklinicznychDr 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 bioinformatykąW2 - dostępne w Internecie biomolekularne bazy danych | Umiejętności:U1 - narzędziami bioinformatycznymi lokalizację genów i przewiduje ich produkty białkoweU2 - 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 wpływna 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,