|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć:  | Analizy bioinformatyczne w genomice | **ECTS** | **5** |
| Nazwa zajęć w j. angielskim: | Data analysis in genomics |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | Bioinżynieria  |
|  |  |
| Język wykładowy: |  | Poziom studiów: | II stopnia |
| Forma studiów:  | X stacjonarne¨ niestacjonarne | Status zajęć: | ¨ podstawoweX kierunkowe | ¨ obowiązkowe X do wyboru | Numer semestru: 2 | X semestr zimowy¨ semestr letni  |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik): | 2019/2020 | Numer katalogowy: | WNZ-BW-2S-02Z-05.3\_19 |
|  |
| Koordynator zajęć: | Dr Wioleta Drobik-Czwarno |
| Prowadzący zajęcia: | Dr Wioleta Drobik-Czwarno, Dr inż. Piotr Bąska, pracownicy i doktoranci Katedry Genetyki i Ochrony Zwierząt. |
| Jednostka realizująca: | Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt, WHBiOZ oraz Katedra Nauk Przedklinicznych, WMW |
| Jednostka zlecająca: | WHBiOZ |
| Założenia, cele i opis zajęć: | **Założenia**Zna podstawy informatyki i pracy z danymi. Zna podstawy budowy i funkcjonowania genomu oraz budowę i biochemię białek. Posiada wiedzę z zakresu immunologii na temat epitopów oraz prezentacji antygenów**Cel**Celem przedmiotu jest zapoznanie studentów z wybranymi metodami oraz narzędziami analizy danych z zakresu genomiki i proteomiki. **Opis przedmiotu:****Wykład**y: Przegląd formatów danych oraz narzędzi stosowanych w bioinformatyce, analiza danych z mikromacierzy SNP, analiza stratyfikacji populacji, GWAS, sekwencjonowanie nowej generacji, analiza ekspresji genów**Ćwiczenia:** Praca z danymi biologicznymi w R z wykorzystaniem pakietu Bioconductor. Analiza danych z mikromacierzy SNP obejmująca kontrolę jakości, stratyfikację populacji, analizy asocjacyjne w skali genomu (GWAS) w programie Plink. Analiza danych z technologii NGS obejmująca podstawowe formaty przechowywania danych, kontrolę jakości, mapowanie do genomu referencyjnego, wykrywanie polimorfizmów i ich charakterystykę. Analiza ekspresji genów (metoda Pfaffl’a i inne). Bazy danych białek o znanej strukturze i ich przeszukiwanie. Rozwiązywanie struktury białek metodami bioinformatycznymi. Format struktury przestrzennej \*.pdb. Programy do wizualizacji struktury białek. Struktura białka przewidziana obliczeniowo, a struktura białka uzyskana modą krystalizacji. |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | 1. Wykład…………………………… …………………………….……………; liczba godzin 10;
2. Ćwiczenia audytoryjne ; liczba godzin 45;
 |
| Metody dydaktyczne: | Praca z komputerem, praca nad projektem, prezentacje |
| Wymagania formalne i założenia wstępne: | Technologia informacyjna (lub pokrewny przedmiot)Molekularne podstawy funkcjonowania genomu (lub pokrewny przedmiot)Immunologia (lub pokrewny przedmiot)Statystyka (lub pokrewny przedmiot) |
| Efekty uczenia się: | **Wiedza**:W1 - Student zna i rozumie zasady prowadzenia doświadczeń związanych z bioinżynierią zwierzątW2- Student zna i rozumie zaawansowane metody i analizy bioinformatyczne pozwalające na kształtowanie i zrozumienie procesów biotechnologicznych | **Umiejętności**:U1 - Student potrafi analizować i przetwarzać informacjez wykorzystaniem odpowiednichtechnik informatycznychU2 - Student potrafi formułować hipotezy badawcze i je weryfikowaćU3 - Student potrafi współdziałać z innymi osobami w ramach pracy zespołowej  | **Kompetencje**:

|  |
| --- |
| K1 - Student jest gotów do uznawania uznaje znaczenia wiedzy w życiu zawodowym oraz jej krytycznej analizy K2 - Student jest gotów i rozumie potrzebę doskonaleniaw zakresie wykonywanej pracy |

 |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | Praca zaliczeniowa - projekt |
| Forma dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się: | Praca zaliczeniowa |
| Elementy i wagi mające wpływna ocenę końcową: | Egzamin – 40%Projekt – 60% |
| Miejsce realizacji zajęć: | Platforma MS Teams, Pracownia komputerowa |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca:1. Baxevanis A.D., Ouellett B.F.F., Bioinformatyka, 2004, PWN2. Higgs P., Attwood T. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. 2011. PWN3. Weir B.S., Genetic data analysis, 1996 i następne , Sinauer Associates, Inc. Publishers4. Brown T.A. 2009. Genomy. red. wyd. pol. Piotr Węgleński. PWN Wydawnictwo. Warszawa 2009, wyd.2 |
| 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: | **125 H** |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | **2,2 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 – W01 | Student zna i rozumie zasady prowadzenia doświadczeń związanych z bioinżynierią zwierząt | K\_W01  | 2 |
| Wiedza – W02 | Student zna i rozumie zaawansowane metody i analizy bioinformatyczne pozwalające na kształtowanie i zrozumienie procesów biotechnologicznych | K\_W03 | 2 |
| Umiejętności – U01 | Student potrafi analizować i przetwarzać informacjez wykorzystaniem odpowiednich technik informatycznych | K\_U01  | 3 |
| Umiejętności – U02 | Student potrafi formułować hipotezy badawcze i je weryfikować | K\_U04 | 2 |
| Umiejętności – U03 | Student potrafi współdziałać z innymi osobami w ramach pracy zespołowej  | K\_U06 | 2 |
| Kompetencje – K01 | Student jest gotów do uznawania uznaje znaczenia wiedzy w życiu zawodowym oraz jej krytycznej analizy  | K\_K01 | 2 |
| Kompetencje – K02 | Student jest gotów i rozumie potrzebę doskonalenia w zakresie wykonywanej pracy | K\_K03  | 1 |

\*)

3 – zaawansowany i szczegółowy,

2 – znaczący,

1 – podstawowy,