



Narzędzia bioinformatyczne w badaniach genomu i transkryptomu  
Karta opisu przedmiotu

**Informacje podstawowe**

<p><b>Kierunek studiów</b> Bioinformatyka</p> <p><b>Specjalność</b> techniki programistyczne w biologii molekularnej (TP)</p> <p><b>Jednostka organizacyjna</b> Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt</p> <p><b>Poziom studiów</b> studia drugiego stopnia (magister inżynier)</p> <p><b>Forma studiów</b> stacjonarne</p> <p><b>Profil studiów</b> ogólnoakademicki</p>	<p><b>Cykl kształcenia</b> 2021/22</p> <p><b>Kod przedmiotu</b> WBiHZBBITMS.MI4C.1360.21</p> <p><b>Języki wykładowe</b> polski</p> <p><b>Obligatoryjność</b> Fakultatywny</p> <p><b>Blok zajęciowy</b> Przedmioty specjalnościowe</p> <p><b>Dyscypliny</b> Nauki biologiczne</p> <p><b>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi</b> Nie</p> <p><b>Przedmiot kształtujący umiejętności praktyczne</b> Nie</p>	
<p><b>Nauczyciel akademicki odpowiedzialny za przedmiot</b></p>	<p>Bartosz Kozak</p>	
<p><b>Pozostali prowadzący</b></p>	<p>Bartosz Kozak</p>	
<p><b>Okres</b> Semestr 3</p>	<p><b>Forma zaliczenia</b> Egzamin</p> <p><b>Forma prowadzenia i godziny zajęć</b> Wykład: 15 Ćwiczenia laboratoryjne: 45</p>	<p><b>Liczba punktów ECTS</b> 6.0</p>

**Cele kształcenia dla przedmiotu**

<p>C1</p>	<p>Przedmiot ma na celu zapoznanie studentów z narzędziami analizy danych sekwencyjnych uzyskiwanych metodami nowej generacji (NGS)</p>
-----------	---

## Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty uczenia się w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
<b>Wiedzy - Student zna i rozumie:</b>			
W1	Ma wiedzę z zakresu stosowania zaawansowanych pakietów statystycznych	BI_P7S_WG02	Projekt, Aktywność na zajęciach, Referat, Prezentacja, Wykonanie ćwiczeń
<b>Umiejętności - Student potrafi:</b>			
U1	Pracuje w środowisku Linux	BI_P7S_UW01, BI_P7S_UW11	Projekt, Obserwacja pracy studenta, Aktywność na zajęciach, Wykonanie ćwiczeń
U2	Posiada umiejętność analizy danych NGS	BI_P7S_UW08	Projekt, Obserwacja pracy studenta, Aktywność na zajęciach, Wykonanie ćwiczeń
U3	Wykorzystuje literaturę naukową do pozyskania danych do analiz	BI_P7S_UK13	Projekt, Obserwacja pracy studenta, Aktywność na zajęciach, Wykonanie ćwiczeń
U4	Potrafi współpracować w grupie, przyjmując w niej różne role, jest odpowiedzialny za pracę własną i zespołową	BI_P7S_UO17	Projekt, Obserwacja pracy studenta, Aktywność na zajęciach, Wykonanie ćwiczeń
<b>Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:</b>			
K1	Określa priorytety służące realizacji postawionego przez siebie lub innych zadania	BI_P7S_KO04	Aktywność na zajęciach, Wykonanie ćwiczeń

## Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane aktywności	
Wykład	15	
Ćwiczenia laboratoryjne	45	
Przygotowanie do zajęć	30	
Przygotowanie projektu	45	
Przygotowanie prezentacji/referatu	35	
<b>Łączny nakład pracy studenta</b>	<b>Liczba godzin</b> 170	<b>ECTS</b> 6.0
<b>Zajęcia z bezpośrednim udziałem nauczyciela</b>	<b>Liczba godzin</b> 60	<b>ECTS</b> 2.0

<b>Nakład pracy związany z zajęciami o charakterze praktycznym</b>	<b>Liczba godzin</b> 45	<b>ECTS</b> 1.7
--	----------------------------	--------------------

\* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

## Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Formy prowadzenia zajęć
1.	1. Wprowadzenie do środowiska Linux 2. BLAST 3. Analiza danych NGS 4. Metody mapowania odczytów 5. GATK - zastosowanie w poszukiwaniu polimorfizmów SNP	Wykład
2.	1. Bazy danych BLAST 2. Wykorzystanie BLAST 3. Alternatywy dla BLAST 4. Aligner bwa 5. Aligner bowtie 6. Jak porównać aligmenty 7. Mapowanie sekwencji (SAM) 8. Specyfikacja SAM 9. Filtrowanie i analiza plików SAM 10. AWK i BioAWK 11. Warianty genomu (VCF) cz I 12. Warianty genomu (VCF) cz II 13. Wyszukiwanie SNP cz I 14. Wyszukiwanie SNP cz II – analiza wielopróbkowa 15. Wyszukiwanie SNP cz III – normalizacja i efekt predykcji	Ćwiczenia laboratoryjne

## Informacje rozszerzone

### Metody nauczania:

Praca w grupie, Pracownia komputerowa, Wykład, Ćwiczenia

Aktywności	Metody zaliczenia	Udział procentowy w ocenie łącznej przedmiotu
Wykład	Referat, Prezentacja	20%
Ćwiczenia laboratoryjne	Projekt, Obserwacja pracy studenta, Aktywność na zajęciach, Wykonanie ćwiczeń	80%

## Wymagania wstępne

Wiedza z zakresu genetyki klasycznej i molekularnej, znajomość budowy genomu organizmów eukariotycznych, znajomość organizacji DNA u organizmów eukariotycznych, zasady działania przeglądarek internetowych, znajomość podstaw statystyki. Znajomość języka angielskiego na poziomie komunikatywnym.

## Literatura

### Obowiązkowa

1. T. Brown, Genomy, PWN, Warszawa, 2008
2. J.Xiong, Podstawy bioinformatyki, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, 2009

### Dodatkowa

1. P. G. Higgs, T. K. Attwood, Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, Warszawa, 2008

## Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
BI_P7S_KO04	Absolwent jest gotów do myślenia i działania w sposób przedsiębiorczy oraz inicjowania działań na rzecz interesu publicznego
BI_P7S_UK13	Absolwent potrafi samodzielnie przygotować projekt i pisemne opracowanie naukowe z zakresu bioinformatyki oraz publicznie je zaprezentować i komunikować się na tematy specjalistyczne ze zróżnicowanymi kręgami odbiorców
BI_P7S_UO17	Absolwent potrafi współdziałać i pracować w grupie
BI_P7S_UW01	Absolwent potrafi pracować i programować w środowiskach różnych systemów operacyjnych
BI_P7S_UW08	Absolwent potrafi przeprowadzić zaawansowaną analizę sekwencji nukleotydów, sekwencji aminokwasów, ekspresji genów i ścieżek sygnalizacyjnych
BI_P7S_UW11	Absolwent potrafi stosować na poziomie zaawansowanym pakiety statystyczne, posiada umiejętność wyboru, instalacji i zastosowania programów dostępnych w dystrybucji typu „open source” do pracy z dużymi zbiorami danych biologicznych i hodowlanych
BI_P7S_WG02	Absolwent zna i rozumie w stopniu pogłębionym zagadnienia z zakresu stosowania wybranych pakietów statystycznych