

SYLABUS PRZEDMIOTU

1.	Nazwa przedmiotu w języku polskim oraz języku angielskim Genomika Genomics
2.	Dyscyplina naukowa Nauki medyczne Inżynieria biomedyczna
3.	Język wykładowy język polski
4.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
5.	Rodzaj przedmiotu obowiązkowy
6.	Kierunek studiów Biotechnologia (specjalność Biologia systemowa i bioinformatyka)
7.	Poziom studiów II stopień
8.	Rok studiów II rok
9.	Semestr semestr zimowy
10.	Forma zajęć i liczba godzin wykład, 15 godzin ćwiczenia komputerowe, 30 godzin
11.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu: • podstawowa umiejętność obsługi komputera • podstawy analiz bioinformatycznych
12.	Cele kształcenia dla przedmiotu Głównym celem zajęć jest: • poznanie organizacji i ewolucji genomów oraz molekularnych podstaw ewolucji; • poznanie teoretycznych i praktycznych podstaw metod filogenetyki molekularnej oraz analiz genomów w powiązaniu z chorobami i danymi medycznymi.

13.	Treści programowe wykładów i ćwiczeń: • podstawowe zagadnienia z dziedziny genomiki, bioinformatyki, filogene-tyki i ewolucji molekularnej; • genomowe bazy danych; • metagenomika i analizy genomowe mikrobiomów; • badania asocjacyjne całego genomu; • mutacje w genomach i ich konsekwencje; • związek analiz genomowych z medycyną spersonalizowaną; • genomika porównawcza; analizy i przyrównania genomów; genom głów-nych i dodatkowy; • wielkość i organizacja genomów; • ewolucja genomów (redukcja, duplikacje, rearanżacje, poliploidyzacja, transfer horyzontalny); • filogenetyka molekularna; etapy analiz filogenetycznych (zebranie se-kwencji homologicznych, przyrównanie sekwencji, określenie modelu sub-stytucji, skonstruowanie drzewa filogenetycznego, analiza i ocena drzewa filogenetycznego, szacowanie istotności gałęzi drzewa); • przykłady ewolucji wybranych genów i białek; • odtwarzania filogenezy wybranych grup organizmów; • idea datowania molekularnego.		
14.	<table border="1"> <tr> <td data-bbox="312 1039 986 1839"> Zakładane efekty uczenia się Student: • ma pogłębioną wiedzę z zakresu bioinformatyki i genomiki; • zna podstawy zjawiska ewolucji zachodzącej na poziomie molekularnym; • ma wiedzę w zakresie specjalistycznych bioinformatycznych narzędzi i baz danych związanych z analizą genomów i ewolucji molekularnej; • dobiera i stosuje zaawansowane narzędzia bioinformatyczne do analiz genomowych i filogenetycznych; • potrafi zaplanować analizy bioinformatyczne do rozwiązania danego problemu; • rozumie potrzebę systematycznego poszerzania swojej wiedzy w oparciu o literaturę i Internet dotyczącej analiz danych biologicznych z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych. </td><td data-bbox="986 1039 1422 1839"> Symbole odpowiednich kierunkowych efektów uczenia się: K_W03 K_W06 K_U01, K_U05 K_U01 K_K05 </td></tr> </table>	Zakładane efekty uczenia się Student: • ma pogłębioną wiedzę z zakresu bioinformatyki i genomiki; • zna podstawy zjawiska ewolucji zachodzącej na poziomie molekularnym; • ma wiedzę w zakresie specjalistycznych bioinformatycznych narzędzi i baz danych związanych z analizą genomów i ewolucji molekularnej; • dobiera i stosuje zaawansowane narzędzia bioinformatyczne do analiz genomowych i filogenetycznych; • potrafi zaplanować analizy bioinformatyczne do rozwiązania danego problemu; • rozumie potrzebę systematycznego poszerzania swojej wiedzy w oparciu o literaturę i Internet dotyczącej analiz danych biologicznych z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych.	Symbole odpowiednich kierunkowych efektów uczenia się: K_W03 K_W06 K_U01, K_U05 K_U01 K_K05
Zakładane efekty uczenia się Student: • ma pogłębioną wiedzę z zakresu bioinformatyki i genomiki; • zna podstawy zjawiska ewolucji zachodzącej na poziomie molekularnym; • ma wiedzę w zakresie specjalistycznych bioinformatycznych narzędzi i baz danych związanych z analizą genomów i ewolucji molekularnej; • dobiera i stosuje zaawansowane narzędzia bioinformatyczne do analiz genomowych i filogenetycznych; • potrafi zaplanować analizy bioinformatyczne do rozwiązania danego problemu; • rozumie potrzebę systematycznego poszerzania swojej wiedzy w oparciu o literaturę i Internet dotyczącej analiz danych biologicznych z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych.	Symbole odpowiednich kierunkowych efektów uczenia się: K_W03 K_W06 K_U01, K_U05 K_U01 K_K05		

15.	Literatura obowiązkowa: • materiały udostępnione przez prowadzących w formie plików i instrukcji. Literatura zalecana: • Lesk A, Wprowadzenie do bioinformatyki, PWN • Higgs PG, Attwood TK, Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN • Baxevanis AD, Ouellette BFF (red.) Bioinformatyka – podręcznik do analizy genów i białek, PWN • Hall B, Łatwe drzewa filogenetyczne, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego	
16.	Metody weryfikacji zakładanych efektów uczenia się: • ćwiczenia: częściowe zaliczenia pisemne (testy na komputerze weryfikujące praktyczną wiedzę na temat analiz genomowych i filogenetycznych z poszczególnych zagadnień); • wykład: egzamin pisemny (test na komputerze weryfikujący teoretyczną i praktyczną wiedzę z genomiki i filogenetyki molekularnej).	
17.	Warunki i forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu: uzyskanie ocen pozytywnych z ćwiczeń i egzaminu	
	Nakład pracy studenta wyrażony w godzinach zajęć oraz punktach ECTS	liczba godzin przeznaczona na zrealizowanie danego rodzaju zajęć
	zajęcia (wg planu studiów) z prowadzącym: • wykład • ćwiczenia komputerowe	15 godzin 30 godzin
	praca własna studenta: • przygotowanie do zajęć • czytanie wskazanej literatury • przygotowanie zadań • przygotowanie do egzaminu	50 godzin
	Łączna liczba godzin zajęć	95 godzin
	Liczba punktów ECTS: • wykład • ćwiczenia	2 ECTS 2 ECTS