



Karta przedmiotu Bioinformatyka

1. Informacje podstawowe

Kierunek studiów zootechnika Specjalność - Jednostka zarządzająca kierunkiem studiów Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt Poziom studiów drugiego stopnia (mgr inż.) Profil studiów Profil ogólnoakademicki Forma studiów studia stacjonarne	Cykl kształcenia (nabór) 2023/24 Kod przedmiotu 06ZOS.DI4C.1025.23 Języki wykładowe polski Obligatoryjność Obowiązkowy Blok zajęciowy Przedmioty kierunkowe	
Wymagania wstępne	Brak	
Przedmioty wprowadzające	Brak	
Koordinator	Beata Sitkowska	
Okres Semestr 3	Forma i godziny zajęć • Wykład: 15, Zaliczenie na ocenę • Ćwiczenia laboratoryjne: 30, Zaliczenie na ocenę	Liczba punktów ECTS 3

2. Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Opis efektów uczenia się	Odniesienie do kierunkowych efektów uczenia się	Odniesienie do charakterystyk PRK
Wiedza:			

Kod	Opis efektów uczenia się	Odniesienie do kierunkowych efektów uczenia się	Odniesienie do charakterystyk PRK
W1	Zna zagadnienia z zakresu znajomości i pracy w bioinformatycznych bazach danych.	ZO_O2_K_W01	P75_WG P75_WG_inż
W2	Zna zagadnienia analizy bioinformatycznej i wykorzystywane jej w hodowli zwierząt gospodarskich.	ZO_O2_K_W02	P75_WG P75_WG_inż
Umiejętności:			
U1	Potrafi wybrać odpowiednie narzędzia dostępne w biologicznych bazach danych służące interpretacji genetycznych danych odnośnie zwierząt hodowlanych.	ZO_O2_K_U01	P75_UW P75_UW_inż
Kompetencje społeczne:			
K1	Jest gotów do podjęcia pracy zawodowej z uwzględnieniem osiągnięć i możliwości jakie dane nowa wiedza pochodząca z biologicznych i bioinformatycznych baz danych.	ZO_O2_K_K03	P75_KR

3. Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Formy zajęć	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Wprowadzenie i podstawowe pojęcia z bioinformatyki. Historia bioinformatyki. Biologiczne bazy danych. Zasoby NCBI. Zawartość bazy danych GENBANK. Baza Ensembl.	Wykład	W1, K1
2.	Dopasowanie sekwencji biologicznych. Poszukiwanie podobieństwa w bazach danych. Tworzenie i analiza zestawień dopasowanych sekwencji białek. Metody przewidywania wykorzystujące sekwencje białek.	Wykład	W1, W2, U1, K1
3.	Wprowadzenie do filogenetyki. Metody analiz filogenetycznych.	Wykład	W2, U1, K1
4.	Biomedyczne i biologiczne bazy danych. Zapoznanie z bazą NCBI. Narzędzia dostępne w bazie NCBI. Model danych Ensembl. Wykorzystanie narzędzia BIOMART. Wyszukiwanie informacji za pomocą narzędzia VARIATION. Wykorzystanie informacji z bioinformatycznych baz danych i możliwości ich zastosowania w hodowli zwierząt.	Ćwiczenia laboratoryjne	W1, W2, U1, K1
5.	Przeszukiwanie baz QTL zwierząt gospodarskich. Dopasowanie sekwencji biologicznych. Przeszukiwanie baz danych. Tworzenie i analiza zestawień dopasowanych sekwencji.	Ćwiczenia laboratoryjne	W2, U1, K1
6.	Konstruowanie i analiza drzew filogenetycznych.	Ćwiczenia laboratoryjne	W1, W2, U1, K1

4. Metody prowadzenia zajęć, weryfikacji efektów uczenia się i warunki zaliczenia

Forma zajęć	
-------------	--

Wykład	Metody prowadzenia zajęć:	
	Wykład, Dyskusja	
	Metody (sposoby) weryfikacji:	Udział:
	Kolokwium	100%
	Warunki zaliczenia przedmiotu:	
<p>Student musi uzyskać ocenę pozytywną z dwóch kolokwium - co najmniej 51% punktów potwierdzających osiągnięcie efektów uczenia, w przypadku uzyskania mniejszej niż 51% puli punktów - student/ka ma dwie poprawy.</p> <p>Sposób obliczania oceny końcowej: Ocena końcowa zostanie wyliczona na podstawie średniej arytmetycznej z ocen cząstkowych uzyskanych z kolokwium (§22 Regulaminu Studiów PBŚ) Zasady i warunki zaliczeń poprawkowych zgodnie z Regulaminem Studiów PBŚ</p>		
Ćwiczenia laboratoryjne	Metody prowadzenia zajęć:	
	Ćwiczenia przy stanowisku komputerowym	
	Metody (sposoby) weryfikacji:	Udział:
	Kolokwium	100%
	Warunki zaliczenia przedmiotu:	
<p>Student musi uzyskać ocenę pozytywną z dwóch kolokwium - co najmniej 51% punktów potwierdzających osiągnięcie efektów uczenia, w przypadku uzyskania mniejszej niż 51% puli punktów - student/ka ma dwie poprawy.</p> <p>Sposób obliczania oceny końcowej: Ocena końcowa zostanie wyliczona na podstawie średniej arytmetycznej z ocen cząstkowych uzyskanych z kolokwium (§22 Regulaminu Studiów PBŚ) Zasady i warunki zaliczeń poprawkowych zgodnie z Regulaminem Studiów PBŚ</p>		

Efekt uczenia się dla przedmiotu	Metody (sposoby) weryfikacji
	Kolokwium
W1	x
W2	x
U1	x
K1	x

5. Literatura

Literatura podstawowa

1. Baxevanis A.D. (red.), Ouellette B.F.F. (red.), 2005. Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek, PWN
2. Xiong J.J., 2010. Podstawy bioinformatyki, WUW
3. Higgs P.W., Attwood T.K., 2008. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN

Literatura uzupełniająca

1. Materiały edukacyjne na stronach internetowych: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> oraz <http://ebi.ac.uk>
2. Pevsner J. (red.), 2015. Bioinformatics and Functional Genomics. UK, Wiley-Blackwell.
3. Sitkowska B., Kolenda M., 2020. Bioinformatyczne bazy danych w zrównoważonej intensyfikacji hodowli bydła mlecznego. Rozdział w: Zastosowanie współczesnych metod doskonalenia bydła i zarządzania stadem w kontekście ilości i jakości pozyskiwanych produktów, 2-32. Wydawnictwo UR w Krakowie, ISBN 978-83-66602-02-1

6. Nakład pracy studenta - bilans godzin i punktów ECTS

Aktywność studenta		Obciążenie studenta Liczba godzin
Zajęcia prowadzone z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego lub innych osób prowadzących zajęcia	Wykład	15
	Ćwiczenia laboratoryjne	30
Praca własna studenta	Konsultacje	5
	Przygotowanie do zajęć	5
	Studiowanie literatury	5
	Przygotowanie do egzaminu	10
	Przygotowanie do zaliczenia	5
Łączny nakład pracy studenta		75
Liczba punktów ECTS		3

* Godzina (dydaktyczna) oznacza 45 minut