

1.	Nazwa kierunku	biotechnologia
2.	Wydział	Wydział Nauk Przyrodniczych
3.	Cykl rozpoczęcia	2022/2023 (semestr zimowy), 2023/2024 (semestr zimowy), 2024/2025 (semestr zimowy), 2025/2026 (semestr zimowy)
4.	Poziom kształcenia	studia drugiego stopnia
5.	Profil kształcenia	ogólnoakademicki
6.	Forma prowadzenia studiów	stacjonarna

Moduł kształcenia: Bioinformatyka

Kod modułu: 2BT_11A

1. Liczba punktów ECTS: 5

2. Zakładane efekty uczenia się modułu			
kod	opis	efekty uczenia się kierunku	stopień realizacji (skala 1-5)
2BT_11_1	Klasyfikuje i stosuje techniki informatyczne i statystyczne wykorzystywane w analizach sekwencji DNA i białek	2BT_W01_P	4
2BT_11_2	Wykorzystuje techniki informatyczne i bioinformatyczne do zbierania oraz opisu danych pochodzących z eksperymentów sekwencjonowania DNA, cDNA oraz analizy sekwencji i struktury białek	2BT_W03_P	4
2BT_11_3	Dostrzega i analizuje związki i zależności w przyrodzie oraz wykorzystuje tę wiedzę w analizach filogenetycznych i ocenie bioróżnorodności na podstawie sekwencji DNA i białek	2BT_W03_P	4
2BT_11_4	Dobiera adekwatne metody bioinformatyczne i statystyczne do opisu zjawisk oraz gromadzenia i analizy danych pochodzących z eksperymentów biologicznych	2BT_W01_P	5
2BT_11_5	Samodzielnie planuje i przeprowadza analizy bioinformatyczne związane z rozwiązywaniem problemów badawczych z zakresu biotechnologii i biologii	2BT_U01_P 2BT_U02_P	5 5
2BT_11_6	Docenia wagę stosowania narzędzi bioinformatycznych i statystycznych przy opisie zjawisk i procesów zachodzących w przyrodzie oraz w rozwiązywaniu problemów badawczych z zakresu biotechnologii i biologii	2BT_U03_P	4
2BT_11_7	Wykazuje kreatywność i samodzielność w analizach bioinformatycznych i ma nawyk aktualizowania wiedzy z zakresu przedmiotu	2BT_K01_P 2BT_K03_P	5 5

3. Opis modułu	
Opis	Moduł przekazuje specjalistyczną wiedzę z zakresu bioinformatyki, w stopniu który umożliwi przeprowadzenie podstawowych analiz z zakresu: wyszukiwania informacji biologicznych w bazach danych, porównywania sekwencji DNA i białek, identyfikacji elementów funkcjonalnych genomu i określania funkcji białek oraz badań filogenetycznych prowadzonych w oparciu o dostępne sekwencje. Szczególny nacisk położony jest na poznanie różnych metod stosowanych w analizach bioinformatycznych. W przeprowadzonych samodzielnie

	analizach student nabywa umiejętności wyszukiwania informacji w dostępnych bazach danych, gromadzenia informacji pochodzących z eksperymentów biologicznych oraz podstawowych analiz bioinformatycznych. Ponadto, studenci zapoznają się z metodami analizy danych pochodzących z wysokoprzepustowego sekwencjonowania następnej generacji (NGS). Przedmiot obligatoryjny.
Wymagania wstępne	Opanowanie wiadomości z zakresu podstaw informatyki, genetyki, biologii molekularnej oraz biochemii

4. Sposoby weryfikacji efektów uczenia się modułu			
kod	nazwa (typ)	opis	efekty uczenia się modułu
2BT_11_w_1	Zaliczenie	na zasadach określonych w sylabusie	2BT_11_1, 2BT_11_2, 2BT_11_3, 2BT_11_4, 2BT_11_5, 2BT_11_6, 2BT_11_7

5. Rodzaje prowadzonych zajęć						
kod	rodzaj prowadzonych zajęć			praca własna studenta		sposoby weryfikacji efektów uczenia się
	nazwa	opis (z uwzględnieniem metod dydaktycznych)	liczba godzin	opis	liczba godzin	
2BT_11_fs_1	wykład	Wykład z wybranych zagadnień z wykorzystaniem pomocy audiowizualnych - prezentacje komputerowe ilustrujące omawiane zagadnienia.	15	praca z podręcznikiem, lektura uzupełniająca	30	2BT_11_w_1
2BT_11_fs_2	laboratorium	Praca pod nadzorem prowadzącego - wykonywanie analiz na podstawie instrukcji, analiza uzyskanych wyników Możliwość konsultacji: Dyskusja nad zagadnieniami zaproponowanymi przez studenta	45	Przyswojenie wiedzy z wykładów, praca z podręcznikiem, lektura uzupełniająca	45	2BT_11_w_1