



Program studiów

Wydział:	Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii
Kierunek:	bioinformatyka
Poziom kształcenia:	drugiego stopnia
Forma kształcenia:	studia stacjonarne
Rok akademicki:	2021/22

Spis treści

Charakterystyka kierunku	3
Nauka, badania, infrastruktura	6
Program	8
Efekty uczenia się	10
Plany studiów	12
Sylabusy	17

Charakterystyka kierunku

Informacje podstawowe

Nazwa wydziału:	Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii
Nazwa kierunku:	bioinformatyka
Poziom:	drugiego stopnia
Profil:	ogólnoakademicki
Forma:	studia stacjonarne
Język studiów:	polski

Przyporządkowanie kierunku do dziedzin oraz dyscyplin, do których odnoszą się efekty uczenia się

Nauki biologiczne	63%
Informatyka	13%
Matematyka	9%
Nauki chemiczne	9%
Filozofia	3%
Językoznawstwo	3%

Charakterystyka kierunku, koncepcja i cele kształcenia

Charakterystyka kierunku

Bioinformatyka jest interdyscyplinarną nauką zajmującą się zagadnieniami gromadzenia i przetwarzania informacji zawartej w danych uzyskiwanych w badaniach układów biologicznych. Dwuletnie studia drugiego stopnia na kierunku Bioinformatyka skierowane są do osób posiadających szeroką wiedzę i umiejętności z zakresu nauk ścisłych (w szczególności z informatyki i matematyki) lub nauk biologicznych (w szczególności biochemii i biofizyki oraz innych nauk o życiu), które będą mogły dalej rozwijać realizując specjalistyczne kursy (obejmujące zaawansowane zagadnienia z zakresu m.in. genomiki i proteomiki, biologii systemów i biologii syntetycznej, semiotyki informacji genetycznej, a także analizy danych w sekwencjonowaniu następnej generacji). Kursy te ukierunkowane są na rozwiązywanie zadań adresujących różnorodne wyzwania współczesnej bioinformatyki. Program studiów obejmuje kursy obowiązkowe charakteryzujące się minimalnym zestawem koniecznych prerekwizytów, dzięki czemu studia Bioinformatyki (drugiego stopnia) mogą być podejmowane przez absolwentów rozmaitych studiów zarówno z dziedziny nauk biologicznych jak i nauk ścisłych. Szeroka oferta kursów fakultatywnych sprawia, że studenci mogą swobodnie obierać swoją ścieżkę kształcenia uwzględniając zarówno już zdobytą wiedzę i umiejętności, swoje zainteresowania, jak i zmieniające się potrzeby rynku pracy. Studenci mają także możliwość wyjazdów zagranicznych w ramach programów wymiany studenckiej. Studia uwieńczone są realizacją pracy dyplomowej, która przygotowuje Absolwentów tego kierunku do stosowania szerokiego wachlarza zaawansowanych metod bioinformatycznych w analizie różnorodnych danych biologicznych. Studia Bioinformatyki (drugiego stopnia) uzupełniają ofertę dydaktyczną WBBiB. Prowadzone na WBBiB studia drugiego stopnia Biotechnologia molekularna, Biofizyka molekularna i komórkowa oraz Biochemia ukierunkowane są na wykształcenie specjalistów biegłych w stosowaniu nowoczesnych metod biochemii, biofizyki i biotechnologii w badaniach układów biologicznych na poziomie molekularnym. Z kolei, absolwent studiów

Bioinformatyki (drugiego stopnia) będzie wyróżniał się posiadaniem stosownej wiedzy i umiejętności pozwalających na prowadzenie zaawansowanej i pogłębionej analizy danych uzyskiwanych w badaniach takich układów.

Koncepcja kształcenia

Koncepcja kształcenia na kierunku Bioinformatyka (drugiego stopnia) w pełni wpisuje się w podstawowe cele strategiczne Uniwersytetu Jagiellońskiego. Program studiów Bioinformatyki (drugiego stopnia) został skonstruowany w taki sposób, aby obejmować co najmniej dwie ścieżki kształcenia prowadzące zarówno do wykształcenia Absolwentów o wyraźnie różnych kompetencjach oraz do zrealizowania założonych celów kształcenia. Kursy obowiązkowe w planie studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) cechują się minimalnym zestawem prerekwizytów, które mogą być spełnione przy okazji realizacji wielu programów studiów z zakresu nauk biologicznych lub nauk ścisłych. Oferta kursów fakultatywnych, z kolei, umożliwi studentom, którzy po zakończeniu studiów pierwszego stopnia posiadają kompetencje właściwe absolwentom studiów informatycznych zarówno na rozwijanie już posiadanych kompetencji, jak i pogłębianie szerokiej wiedzy z zakresu nauk o życiu. Analogicznie, absolwenci studiów z nauk biologicznych innych niż np. Bioinformatyka (pierwszego stopnia), mają możliwość zdobycia wiedzy i umiejętności z zakresu informatyki. Niezależnie od wcześniej zdobytego wykształcenia, absolwenci studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) będą dysponować wiedzą dotyczącą różnorodnych metod bioinformatycznej analizy danych we współcześnie prowadzonych badaniach z zakresu nauk o życiu.

Cele kształcenia

1. Zdobycie poszerzonej i pogłębionej wiedzy w zakresie bioinformatyki i nauk o życiu umożliwiającej wszechstronną interpretację wyników badań dotyczących układów biologicznych na różnym poziomie organizacji.
2. Doskonalenie umiejętności prowadzenia zaawansowanej i wszechstronnej analizy danych biologicznych obejmującej tworzenie modeli teoretycznych i/lub specjalistycznego oprogramowania.
3. Uzyskanie biegłości w komunikowaniu się w języku polskim i angielskim, rozwijanie umiejętności udziału w dyskusji dotyczącej specjalistycznych zagadnień z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu.
4. Wypracowanie umiejętności wyczerpującego i zwięzłego opracowywania w formie pisemnej wybranych zagadnień dokumentujących wyniki uzyskane w badaniach z zakresu nauk o życiu.

Potrzeby społeczno-gospodarcze

Wskazanie potrzeb społeczno-gospodarczych utworzenia kierunku

Środowisko akademickie oraz firmy z sektora przemysłu wysokich technologii działające w domenie „Life Science” poszukują pracowników, wykazujących umiejętność radzenia sobie ze skomplikowanymi wyzwaniami współczesnej nauki, rozwijającej się w kierunku wielkoskalowych analiz danych generowanych w rozmaitych dyscyplinach nauk o życiu. Właściwe podejście do analizy takich danych i interpretacji uzyskanych wyników wymaga interdyscyplinarnego przygotowania z zakresu zarówno nauk ścisłych jak i biologicznych. Studia kierunku Bioinformatyka (drugiego stopnia) adresują to zapotrzebowanie umożliwiając studentom zindywidualizowany tok studiów prowadzący do uzyskania wysoce specjalistycznych i zróżnicowanych kompetencji zawodowych.

Wskazanie zgodności efektów uczenia się z potrzebami społeczno-gospodarczymi

Szeroka wiedza, liczne umiejętności oraz rozległe kompetencje społeczne absolwentów kierunku studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) mają pozwolić na elastyczne dostosowywanie się do potrzeb rynku pracy w sektorze przemysłu wysokich technologii oraz w środowisku akademickim. Owa elastyczność w kształtowaniu profilu zawodowego absolwenta kierunku studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) przejawia się w łatwości docierania do różnorodnych informacji, np. dotyczących nowych technik badawczych i metod analizy danych oraz w swobodnym korzystaniu z zaawansowanych technologicznie zdobyczy IT (np. specjalistycznych baz danych i baz wiedzy, wyrafinowanych pakietów oprogramowania dedykowanym zaawansowanym zadaniom obliczeniowym). Takie kompetencje zawodowe absolwentów studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) są nie do przecenienia w badaniach struktury i funkcji białek, przewidywaniu aktywności biologicznej nowo

projektowanych leków, wskazywaniu nowych zastosowań procedur analizy numerycznej i algorytmów przetwarzania danych i z całą pewnością pozwolą im podejmować różnorodne obowiązki w miejscu przyszłej pracy zawodowej.

Nauka, badania, infrastruktura

Główne kierunki badań naukowych w jednostce

Studa na kierunku Bioinformatyka (drugiego stopnia) prowadzone są na Wydziale Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii (WBBiB) w ścisłej współpracy z Wydziałem Matematyki i Informatyki (WMiI) Uniwersytetu Jagiellońskiego.

WBBiB prowadzi badania z zakresu biochemii, biofizyki molekularnej, bioinformatyki i biotechnologii. Jest jednym z najlepszych ośrodków naukowych i naukowo-dydaktycznych w kraju (dwukrotnie ocenionym na A+ w kategoryzacji jednostek naukowych, posiada też status Krajowego Naukowego Ośrodka Wiodącego, KNOW, wielokrotny lider rankingu Perspektyw). WBBiB dysponuje nowoczesnym sprzętem umożliwiającym zapoznanie studentów z zaawansowanymi technikami badawczymi, stosowanymi przez pracowników naukowych i naukowo-dydaktycznych w ich badaniach, w których zawsze uczestniczą studenci przygotowujący swoje prace dyplomowe. Zaplecze aparaturowe zostało w ostatnich latach znacznie poszerzone m.in. o 7 pracowni badawczych (w których prowadzone są prace z zakresu proteomiki, biofizyki komórki, immunologii, wirusologii i hodowli tkankowych), nowoczesną zwierzętarnię (która pozwoliła na wprowadzenie unikatowych modeli zwierząt transgenicznych służących m.in. innymi do badania nieswoistej i swoistej odpowiedzi odpornościowej) oraz o Centralny Bank Próbek Biologicznych wyposażony w automatyczny system kriogeniczny, zasilany ciekłym azotem.

Badania naukowe na WMiI prowadzone są na najwyższym poziomie – o czym świadczy m.in. kategoria A+ uzyskana przez Wydział w ocenie jednostek naukowych. WMiI był też członkiem konsorcjum KNOW (Krajowy Naukowy Ośrodek Wiodący). Wśród badań prowadzonych na WMiI kluczową rolę odgrywają takie zagadnienia jak: Analiza funkcjonalna (intensywnie studiowane są obiekty znajdujące zastosowanie zarówno w matematyce, jak i w fizyce teoretycznej, zwłaszcza w mechanice kwantowej: operatory w przestrzeniach Hilberta, Kreina i Banacha, algebry Banacha i von Neumanna); Analiza zespolona, ze szczególnym uwzględnieniem prac nad jej nowymi gałęziami, stosowanymi w fizyce i geometrii; Geometria algebraiczna (prace prowadzone na WMiI dotyczą rozmaitości Calabiego-Yau, odgrywających podstawową rolę w fizycznej teorii superstrun) czy Informatyka analityczna (wyniki mają zarówno charakter teoretyczny - złożoność obliczeniowa, jak i praktyczny - rozwój oprogramowania) i Matematyka komputerowa (badania w tej dziedzinie koncentrują się wokół analizy numerycznej układów dynamicznych przy użyciu topologii i arytmetyki przedziałowej, pozwalając w szczególności na wykrywanie chaosu).

Związek badań naukowych z dydaktyką

Nauczyciele akademicki prowadzący kursy na kierunku Bioinformatyka (drugiego stopnia), zarówno obligatoryjne jak i fakultatywne, aktywnie działają na niwie naukowej w zakresie przedmiotów, których uczą – to jest najlepszy sposób zapewnienia najwyższej jakości nauczania, sprawdzający się od lat na WBBiB i WMiI. Na obu wydziałach studenci angażowani są w pracę badawczą – poza kursowymi zajęciami praktycznymi – także w ramach studenckich projektów badawczych oraz w ramach wykonywania swoich prac dyplomowych, które zawsze są ściśle powiązane z badaniami naukowymi prowadzonymi przez opiekunów tych prac. Jednym z największych atutów kształcenia na WBBiB jest fakt, że większość zajęć dydaktycznych odbywa się w relacji Mistrz-Uczeń. WBBiB jest nieduży, dlatego indywidualne podejście do kształcenia jest w ogóle możliwe i praktykowane. WMiI od lat dba o właściwe szkolenie przyszłych kadr uczestnicząc w trzech dużych projektach: Międzynarodowym Projekcie Doktoranckim "Geometria i topologia w modelach fizycznych", Środowiskowych Studiach Doktoranckich Nauk Matematycznych oraz Interdyscyplinarnych Studiach Doktoranckich "Społeczeństwo - Technologie - Środowisko".

Opis infrastruktury niezbędnej do prowadzenia kształcenia

Budynek WBBiB liczący 12 786 m² znajduje się na III Kampusie UJ i zajmuje część Kompleksu Nauk Biologicznych zlokalizowanego przy ulicy Gronostajowej 7. Oddany do użytku w 2001 r. budynek Wydziału uzyskał certyfikat jakości nr BQS-03/2001. WBBiB oferuje studentom bardzo dobre warunki kształcenia. Podstawowe funkcje budynku (wentylacja,

klimatyzacja, system przeciwpożarowy, dostęp do pomieszczeń laboratoryjnych itp.) sterowane są przez system BMS (ang. – Building Management System). BMS steruje wentylacją, klimatyzacją, systemem przeciwpożarowym a także dostępem poszczególnych osób do pomieszczeń laboratoryjnych WBBiB.

Od jesieni 2008 roku siedzibą WMil jest nowy budynek usytuowany na Kampusie 600-lecia Odnowienia Uniwersytetu Jagiellońskiego. Dzięki temu wszystkie jednostki WMil są skupione w jednym miejscu. Ponadto, WMil jest zlokalizowany w niewielkiej odległości od WBBiB – łączy je wygodna Aleja Wawelska stanowiąca oś III kampusu. Budynek WMil o powierzchni ponad 12 000 m² zapewnia ponad 1200 miejsc w 28 salach wykładowych, ćwiczeniowych i seminaryjnych, jak również 340 miejsc w 25 pracowniach komputerowych (3 pracownie mające 80 stanowisk są dostępne bez ograniczeń dla studentów). W budynku WMil znajduje się dwupoziomowa biblioteka. Budynek WMil został wyposażony w przewodową i bezprzewodową sieć komputerową. WMil dysponuje oprogramowaniem wspomagającym działalność matematyczną i statystyczną. W budynku WMil jest punkt gastronomiczny oraz punkt sprzedaży prasy i książek świadczący również usługi kserograficzne. Część laboratoryjno-dydaktyczna budynku WBBiB jest w pełni klimatyzowana. Sale wykładowe są wyposażone w nowoczesny sprzęt audio-wizualny, sale ćwiczeń zapewniają komfort i bezpieczeństwo pracy. Zajęcia laboratoryjne odbywają się w grupach 8-12 osobowych, zaś specjalistyczne – w grupach 6-8 osobowych. W kompleksie budynków znajduje się biblioteka, stołówka, kawiarnia, punkt ksero i kiosk. W budynku WBBiB studenci korzystają z 8 sal ćwiczeń ogólnego przeznaczenia o powierzchni 65-73 m² oraz 4 mniejszych (ok. 45 m²), specjalistycznych sal zlokalizowanych przy poszczególnych zakładach. Sale ćwiczeń ogólnych są przewidziane na 12-15 stanowisk pracy, mniejsze na około 10 stanowisk. Pozostałe pomieszczenia Wydziału to laboratoria zakładowe i pokoje pracy cichej. Pracownie zakładowe są udostępniane magistrantom oraz studentom niższych lat, którzy uczestniczą w pracach badawczych poszczególnych grup naukowych. Magistranci korzystają również z pomieszczeń pracy cichej. Koła naukowe: studentów biotechnologii "Mygen", studentów biofizyki "Nobel", studentów biochemii "Nzyme", studentów bioinformatyki " In silico" oraz Samorząd Studencki posiadają własne pokoje. Dla kierunku Bioinformatyka (drugiego stopnia) szczególnie ważne jest, że WBBiB posiada 5 pracowni komputerowych. Cztery z nich są standardowymi pracowniami komputerowymi, natomiast w piątej możliwe jest podłączenie do komputerów innej aparatury badawczej i wykonywanie pomiarów (ćwiczeń) wspomaganych komputerowo. Ponadto, do dyspozycji prowadzących zajęcia pozostają dwa komplety po 12 komputerów umożliwiającymi ich doraźne wykorzystywanie w dowolnym miejscu na terenie wydziału. W realizacji procesu dydaktycznego wykorzystywane są też metody zdalnego nauczania, które wykorzystują uniwersytecką platformę e-learningową Pegaz. Zmodernizowana infrastruktura teleinformatyczna obsługuje ponad 500 urządzeń sieciowych, w tym ponad 250 komputerów podłączonych do sieci LAN i około 180 urządzeń wykorzystujących łączność bezprzewodową. W 4 segmentach, działa 26 switchy mogących obsłużyć 1248 równoczesnych połączeń sieciowych na poziomie 166.7 Mpps dla każdego z portów. W serwerowni nieprzerwanie pracuje 18 serwerów.

Program

Podstawowe informacje

Klasyfikacja ISCED:	0511
Liczba semestrów:	4
Tytuł zawodowy nadawany absolwentom:	magister

Opis realizacji programu:

Program studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) obejmuje (1) przedmioty obowiązkowe (łącznie 42 ECTS); (2) przedmioty do wyboru (co najmniej 20 ECTS do zrealizowania w sem. 1 i 2), (3) pracownię specjalistyczną i dwie magisterskie (łącznie 48 ECTS), (4) praktykum przygotowania pracy magisterskiej w formie pisemnej rozprawy (5 ECTS), (5) lektorat języka angielskiego (studenci wybierają poziom - łącznie 5 ECTS). Obszar kształcenia obowiązkowego został zrealizowany w taki sposób, aby odpowiednie przedmioty miały możliwie niewiele prerekwizytów, dzięki czemu studia Bioinformatyka (drugiego stopnia) mogą być oferowane absolwentom możliwie wielu studiów pierwszego stopnia, którzy po rozpoczęciu studiów ciągle mają możliwość nadrobienia braków w wiedzy i umiejętnościach realizując przedmioty wymagane do zrealizowania specjalistycznych przedmiotów fakultatywnych. W obszarze kształcenia fakultatywnego, przedmioty oferowane studentom zostały podzielone na cztery kategorie: przedmioty kierunkowe (min. 12 ECTS), przedmioty interdyscyplinarne (zazwyczaj ok. 8 ECTS), przedmioty uzupełniające (max. 3 ECTS) oraz przedmioty humanistyczne i społeczne (co najmniej 2 ECTS). Warto zauważyć, że program studiów daje możliwość wyboru przedmiotów specjalistycznych spoza tej listy. Obszar kształcenia fakultatywnego uzupełniają pracownia specjalistyczna oraz dwie pracownie magisterskie, gdzie studenci pod merytoryczną opieką i nadzorem technicznym doświadczonych dydaktyków i badaczy mogą realizować swoje pasje badawcze związane z bioinformatyką. W planie studiów zawarty jest obowiązkowy przedmiot z zakresu nauk humanistycznych i/lub społecznych (Filozofia przyrody i nauki, 3 ECTS) oraz wymóg wyboru innego przedmiotu z tego zakresu za co najmniej 2 ECTS.

Liczba punktów ECTS

konieczna do ukończenia studiów	120
w ramach zajęć prowadzonych z bezpośrednim udziałem nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia	120
którą student musi uzyskać w ramach zajęć z zakresu nauki języków obcych	5
którą student musi uzyskać w ramach modułów realizowanych w formie fakultatywnej	78
którą student musi uzyskać w ramach praktyk zawodowych	0
którą student musi uzyskać w ramach zajęć z dziedziny nauk humanistycznych lub nauk społecznych	5

Liczba godzin zajęć

Łączna liczba godzin zajęć: 1540

Praktyki zawodowe

Wymiar, zasady i forma odbywania praktyk zawodowych

Brak, praktyki są realizowane na studiach Bioinformatyka (pierwszego stopnia).

Ukończenie studiów

Wymogi związane z ukończeniem studiów (praca dyplomowa/egzamin dyplomowy/inne)

Warunkiem ukończenia studiów jest złożenie pracy dyplomowej oraz zdanie egzaminu dyplomowego. Praca dyplomowa jest przygotowywana przez studenta pod kierunkiem promotora, będącego pracownikiem naukowo-dydaktycznym lub naukowym WBBiB i zatrudnionym na stanowisku adiunkta lub profesora. Praca magisterska musi być przygotowana w formie pisemnej zgodnie z wymogami obowiązującymi na WBBiB i dokumentować uzyskane przez studenta oryginalne wyniki przeprowadzonych w ramach realizowanych pracowni magisterskich badań z zakresu szeroko rozumianej bioinformatyki. Integralną częścią pracy jest zatwierdzony przez Radę Programową studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) najpóźniej do końca 3 semestru studiów, szczegółowy opis bioinformatycznych aspektów badań, których opis i wyniki zawiera praca. Egzamin dyplomowy zdawany jest przez studenta przed powołaną w tym celu komisją. Egzamin dyplomowy poprzedza krótka prezentacja najważniejszych tez pracy dyplomowej.

Efekty uczenia się

Wiedza

Kod	Treść	PRK
BIN_K2_W01	Absolwent zna i rozumie znaczenie kompleksowych badań proteomu, genomu i metabolomu w kontekście integracji wiedzy o złożonych układach biologicznych	P7S_WG
BIN_K2_W02	Absolwent zna i rozumie przebieg badań złożonych układów biologicznych prowadzonych metodami współczesnej biologii i biofizyki molekularnej; zna teoretyczne podstawy tych metod	P7U_W, P7S_WG
BIN_K2_W03	Absolwent zna i rozumie zakres stosowalności i przebieg zaawansowanych metod bioinformatycznej analizy różnorodnych danych biologicznych	P7S_WG
BIN_K2_W04	Absolwent zna i rozumie wybrane zagadnienia filozofii przyrody, szczególnie te objaśniające konsekwencje złożoności i nieliniowości w układach biologicznych oraz implikacje ewolucji biologicznej	P7S_WG, P7S_WK
BIN_K2_W05	Absolwent zna i rozumie złożone procesy biochemiczne na poziomie komórki i organizmu w sposób umożliwiający ilościowe i jakościowe charakteryzowanie zjawisk biologicznych na poziomie molekularnym	P7U_W
BIN_K2_W06	Absolwent zna i rozumie złożone zależności między przetwarzaniem informacji genetycznej w komórce a uruchamianymi w niej lub już zachodzącymi procesami biochemicznymi	P7S_WG
BIN_K2_W07	Absolwent zna i rozumie znaczenie współcześnie prowadzonych badań z różnych dyscyplin nauk o życiu	P7S_WG
BIN_K2_W08	Absolwent zna i rozumie główne aspekty teorii informacji i teorii języka w odniesieniu do zapisu i przetwarzania informacji genetycznej	P7S_WG
BIN_K2_W09	Absolwent zna i rozumie wybrane zagadnienia z genetyki populacyjnej i molekularnej	P7S_WG
BIN_K2_W10	Absolwent zna i rozumie szczegółowe zagadnienia z wybranych działów informatyki	P7S_WG

Umiejętności

Kod	Treść	PRK
BIN_K2_U01	Absolwent potrafi opisać przykładowe zastosowania nowoczesnych metod biologii i biofizyki molekularnej oraz biochemii w badaniu materiału biologicznego	P7U_U, P7S_UW, P7S_UK
BIN_K2_U02	Absolwent potrafi przeprowadzić złożoną analizę danych uzyskanych w badaniach układów biologicznych wykorzystując zaawansowane metody modelowania, symulacji, analizy numerycznej i statystycznej lub techniki nauczania maszynowego	P7U_U, P7S_UW
BIN_K2_U03	Absolwent potrafi samodzielnie wyszukiwać potrzebne informacje oraz przygotować syntetyczną prezentację na podstawie wyników własnych eksperymentów oraz zebranych danych literaturowych	P7S_UK, P7S_UU
BIN_K2_U04	Absolwent potrafi w pełni wykorzystywać umiejętności językowe na poziomie B2+ w zadaniach wymagających: czytania ze zrozumieniem specjalistycznych opracowań w języku angielskim, pisemnego opracowywania wskazanych zagadnień z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu, wygłaszania krótkich prezentacji z tego zakresu oraz rozumienia wykładów specjalistów	P7S_UW, P7S_UK
BIN_K2_U05	Absolwent potrafi zaprojektować i zaimplementować złożony program komputerowy na potrzeby niestandardowej analizy danych	P7S_UW

Kod	Treść	PRK
BIN_K2_U06	Absolwent potrafi wspólnie z opiekunem pracy magisterskiej zaplanować przebieg badań naukowych, przeprowadzić takie badania, a także wyczerpująco opisać, zilustrować i przedyskutować uzyskane wyniki	P7S_UW, P7S_UO

Kompetencje społeczne

Kod	Treść	PRK
BIN_K2_K01	Absolwent jest gotów do doskonalenia kompetencji zawodowych i ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny nauk biologicznych, nie tylko w danej wąskiej dyscyplinie naukowej, ale także w szerszym kontekście integracji i interpretacji wiedzy naukowej	P7S_KK
BIN_K2_K02	Absolwent jest gotów do inspirowania innych najnowszymi osiągnięciami z dziedziny nauk biologicznych, ale także skłonić ich do szerszego, interdyscyplinarnego spojrzenia na te osiągnięcia	P7S_KO, P7S_KR
BIN_K2_K03	Absolwent jest gotów do poszanowania pracy własnej i innych oraz doceniania i respektowania odmienności poglądów	P7U_K
BIN_K2_K04	Absolwent jest gotów do optymalnej organizacji czasu swojej pracy, a w szczególności przestrzegania ustalonych terminów wykonania określonych zadań	P7U_K, P7S_KO
BIN_K2_K05	Absolwent jest gotów do respektowania zasad etyki zawodowej i poszanowania prawa (w szczególności zapisów dotyczących własności intelektualnej)	P7U_K, P7S_KO, P7S_KR
BIN_K2_K06	Absolwent jest gotów do przestrzegania zasad bezpieczeństwa i higieny pracy oraz wykazywania odpowiedzialności za zgodne z przeznaczeniem wykorzystanie powierzonego sprzętu	P7U_K, P7S_KO, P7S_KR

Plany studiów

Program studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) obejmuje (1) przedmioty obowiązkowe (łącznie 42 ECTS); (2) przedmioty fakultatywne podzielone na grupy przedmiotów kierunkowych, interdyscyplinarnych, uzupełniających oraz z nauk humanistycznych i społecznych (łącznie 20 ECTS), (3) pracownię specjalizacyjną i dwie magisterskie (łącznie 48 ECTS), (4) praktykum przygotowania pracy magisterskiej w formie pisemnej rozprawy (5 ECTS), (5) lektorat języka angielskiego (studenci wybierają poziom (B2+ lub C1) - łącznie 5 ECTS).

Studenci kierunku Bioinformatyka (drugiego stopnia) mają możliwość wyboru kursów fakultatywnych w semestrach 1, 2 i 3. Kursy fakultatywne zostały podzielone na grupy K1, K2 i K3 (kursy kierunkowe), grupy S1, S2 i S3 (kursy interdyscyplinarne), grupy U1 i U2 (kursy uzupełniające) oraz grupę H2 (kursy z nauk humanistycznych i społecznych). Student w całym cyklu kształcenia musi zrealizować co najmniej 20 ECTS w ramach kursów kierunkowych lub interdyscyplinarnych, przy czym co najmniej 12 ECTS z tej puli musi zostać zrealizowanych w ramach kursów kierunkowych a reszta z kursów interdyscyplinarnych (z grup S1, S2 i S3) albo uzupełniających (z grup U1 i U2, nie więcej niż 3 ECTS). Student na podstawie pisemnego wniosku pozytywnie zaopiniowanego przez Kierownika studiów i po uzyskaniu zgody Prodziekana ds. dydaktyki może zrealizować inne kursy fakultatywne (spoza grup K1-K3, S1-S3 i U1-U2), jednak łączna liczba ECTS zaliczonych na potrzeby zaliczenia kursów interdyscyplinarnych nie może przekroczyć 3 ECTS. Na potrzebę zaliczenia kursów z grupy H2, student może wybrać dowolny kurs z oferty dydaktycznej Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, któremu jest przypisany jeden z następujących kodów ISCED: 021x, 022x, 031x oraz 032x (gdzie x to dowolna cyfra). Warunkiem ukończenia studiów jest złożenie pracy dyplomowej oraz zdanie egzaminu dyplomowego. Praca dyplomowa jest przygotowywana przez studenta pod kierunkiem promotora, będącego pracownikiem naukowo-dydaktycznym lub naukowym WBBiB i zatrudnionym na stanowisku adiunkta lub profesora. Studenci wybierają promotora swojej pracy magisterskiej do końca pierwszego semestru studiów i mogą zmienić swój wybór tylko jeden raz w całym toku studiów nie później jednak niż na początku drugiego roku studiów. Praca magisterska musi być przygotowana w formie pisemnej zgodnie z wymogami obowiązującymi na WBBiB i dokumentować uzyskane przez studenta oryginalne wyniki przeprowadzonych w ramach realizowanych pracowni magisterskich badań z zakresu szeroko rozumianej bioinformatyki. Integralną częścią pisemnej rozprawy jest zatwierdzony przez Radę Programową studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) najpóźniej do końca 3 semestru studiów, szczegółowy opis bioinformatycznych aspektów badań, których opis i wyniki zawiera rozprawa. Egzamin dyplomowy zdawany jest przez studenta przed powołaną w tym celu komisją. Egzamin dyplomowy poprzedza krótka prezentacja najważniejszych tez pracy dyplomowej.

Semestr 1

Przedmiot	Liczba godzin	Punkty ECTS	Forma weryfikacji	
Bioinformatyka 2	60	5,0	egzamin	O
Biologia strukturalna	60	5,0	egzamin	O
Filogenetyka molekularna	30	2,0	zaliczenie	O
Modelowanie molekularne 2	30	2,0	zaliczenie	O
Next-Generation Sequencing and Data Analysis	30	2,0	zaliczenie	O
Proteomika oparta na spektrometrii mas	30	3,0	egzamin	O
Szkolenie BHK	5	-	zaliczenie	O
Szkolenie USOSweb dla studentów WBBiB	5	-	zaliczenie	O
Grupa L1 - obowiązkowy lektorat, student wybiera poziom				O
Język angielski - poziom B2+	30	2,0	zaliczenie	F
Język angielski - poziom C1	30	2,0	zaliczenie	F
Grupa K1 - fakultatywne przedmioty kierunkowe				O
Matematyka stosowana w bioinformatyce	60	6,0	zaliczenie	F
Przetwarzanie języka naturalnego	60	6,0	zaliczenie	F

Przedmiot	Liczba godzin	Punkty ECTS	Forma weryfikacji	
Układ immunologiczny w patofizjologii chorób człowieka	30	3,0	zaliczenie	F
Grupa S1 - fakultatywne przedmioty interdyscyplinarne				O
Podstawy chemii medycznej	75	7,0	zaliczenie	F
Grupa U1 - fakultatywne przedmioty uzupełniające				F
Modelowanie molekularne 1	60	5,0	zaliczenie	F
Podstawy immunologii	45	4,0	zaliczenie	F
Programowanie w Pythonie	45	3,0	zaliczenie	F

Program studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) obejmuje (1) przedmioty obowiązkowe (łącznie 42 ECTS); (2) przedmioty fakultatywne podzielone na grupy przedmiotów kierunkowych, interdyscyplinarnych, uzupełniających oraz z nauk humanistycznych i społecznych (łącznie 20 ECTS), (3) pracownię specjalizacyjną i dwie magisterskie (łącznie 48 ECTS), (4) praktykum przygotowania pracy magisterskiej w formie pisemnej rozprawy (5 ECTS), (5) lektorat języka angielskiego (studenci wybierają poziom (B2+ lub C1) - łącznie 5 ECTS).

Studenci kierunku Bioinformatyka (drugiego stopnia) mają możliwość wyboru kursów fakultatywnych w semestrach 1, 2 i 3. Kursy fakultatywne zostały podzielone na grupy K1, K2 i K3 (kursy kierunkowe), grupy S1, S2 i S3 (kursy interdyscyplinarne), grupy U1 i U2 (kursy uzupełniające) oraz grupę H2 (kursy z nauk humanistycznych i społecznych). Student w całym cyklu kształcenia musi zrealizować co najmniej 20 ECTS w ramach kursów kierunkowych lub interdyscyplinarnych, przy czym co najmniej 12 ECTS z tej puli musi zostać zrealizowanych w ramach kursów kierunkowych a reszta z kursów interdyscyplinarnych (z grup S1, S2 i S3) albo uzupełniających (z grup U1 i U2, nie więcej niż 3 ECTS). Student na podstawie pisemnego wniosku pozytywnie zaopiniowanego przez Kierownika studiów i po uzyskaniu zgody Prodziekana ds. dydaktyki może zrealizować inne kursy fakultatywne (spoza grup K1-K3, S1-S3 i U1-U2), jednak łączna liczba ECTS zaliczonych na potrzeby zaliczenia fakultatywnych kursów interdyscyplinarnych nie może przekroczyć 3 ECTS. Na potrzebę zaliczenia kursów z grupy H2, student może wybrać dowolny kurs z oferty dydaktycznej Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, któremu jest przypisany jeden z następujących kodów ISCED: 021x, 022x, 031x oraz 032x (gdzie x to dowolna cyfra). Warunkiem ukończenia studiów jest złożenie pracy dyplomowej oraz zdanie egzaminu dyplomowego. Praca dyplomowa jest przygotowywana przez studenta pod kierunkiem promotora, będącego pracownikiem naukowo-dydaktycznym lub naukowym WBBiB i zatrudnionym na stanowisku adiunkta lub profesora. Studenci wybierają promotora swojej pracy magisterskiej do końca pierwszego semestru studiów i mogą zmienić swój wybór tylko jeden raz w całym toku studiów nie później jednak niż na początku drugiego roku studiów. Praca magisterska musi być przygotowana w formie pisemnej zgodnie z wymogami obowiązującymi na WBBiB i dokumentować uzyskane przez studenta oryginalne wyniki przeprowadzonych w ramach realizowanych pracowni magisterskich badań z zakresu szeroko rozumianej bioinformatyki. Integralną częścią pisemnej rozprawy jest zatwierdzony przez Radę Programową studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) najpóźniej do końca 3 semestru studiów, szczegółowy opis bioinformatycznych aspektów badań, których opis i wyniki zawiera rozprawa. Egzamin dyplomowy zdawany jest przez studenta przed powołaną w tym celu komisją. Egzamin dyplomowy poprzedza krótka prezentacja najważniejszych tez pracy dyplomowej.

Semestr 2

Przedmiot	Liczba godzin	Punkty ECTS	Forma weryfikacji	
Biologia syntetyczna	45	4,0	zaliczenie	O
Genomika porównawcza	30	2,0	zaliczenie	O
Metabolomika z elementami chemometrii	30	2,0	zaliczenie	O
Metodologia pracy naukowej	30	2,0	zaliczenie	O
Pracownia specjalistyczna	120	8,0	zaliczenie	O
Semiotyka informacji genetycznej	30	2,0	zaliczenie	O

Przedmiot	Liczba godzin	Punkty ECTS	Forma weryfikacji	
Grupa L2 - obowiązkowy lektorat, student wybiera poziom				O
Język angielski - poziom B2+	30	3,0	egzamin	F
Język angielski - poziom C1	30	3,0	egzamin	F
Grupa K2 - fakultatywne przedmioty kierunkowe				O
Analiza danych statystycznych w R	60	5,0	zaliczenie	F
Programing Python for Bioinformatics	45	4,0	zaliczenie	F
Rejestracja, przetwarzanie i interpretacja danych we współczesnych technikach mikroskopowych	30	2,0	zaliczenie	F
Grupa S2 - fakultatywne przedmioty interdyscyplinarne				O
Chemia kwantowa makrocząsteczek	60	5,0	zaliczenie	F
Molecular mechanisms of angiogenesis	45	4,0	zaliczenie	F
Nuclear Receptors in Gene Regulation and Diseases	30	3,0	zaliczenie	F
Grupa U2 - fakultatywne przedmioty uzupełniające				O
Biochemia	90	7,0	egzamin	F
Grupa H2 - fakultatywne przedmioty z nauk humanistycznych i społecznych				O
Intellectual Property and Ethics in Biosciences	30	3,0	zaliczenie	F

Program studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) obejmuje (1) przedmioty obowiązkowe (łącznie 42 ECTS); (2) przedmioty fakultatywne podzielone na grupy przedmiotów kierunkowych, interdyscyplinarnych, uzupełniających oraz z nauk humanistycznych i społecznych (łącznie 20 ECTS), (3) pracownię specjalizacyjną i dwie magisterskie (łącznie 48 ECTS), (4) praktykum przygotowania pracy magisterskiej w formie pisemnej rozprawy (5 ECTS), (5) lektorat języka angielskiego (studenci wybierają poziom (B2+ lub C1) - łącznie 5 ECTS).

Studenci kierunku Bioinformatyka (drugiego stopnia) mają możliwość wyboru kursów fakultatywnych w semestrach 1, 2 i 3. Kursy fakultatywne zostały podzielone na grupy K1, K2 i K3 (kursy kierunkowe), grupy S1, S2 i S3 (kursy interdyscyplinarne), grupy U1 i U2 (kursy uzupełniające) oraz grupę H2 (kursy z nauk humanistycznych i społecznych). Student w całym cyklu kształcenia musi zrealizować co najmniej 20 ECTS w ramach kursów kierunkowych lub interdyscyplinarnych, przy czym co najmniej 12 ECTS z tej puli musi zostać zrealizowanych w ramach kursów kierunkowych a reszta z kursów interdyscyplinarnych (z grup S1, S2 i S3) albo uzupełniających (z grup U1 i U2, nie więcej niż 3 ECTS). Student na podstawie pisemnego wniosku pozytywnie zaopiniowanego przez Kierownika studiów i po uzyskaniu zgody Prodziekana ds. dydaktyki może zrealizować inne kursy fakultatywne (spoza grup K1-K3, S1-S3 i U1-U2), jednak łączna liczba ECTS zaliczonych na potrzeby zaliczenia fakultatywnych kursów interdyscyplinarnych nie może przekroczyć 3 ECTS. Na potrzebę zaliczenia kursów z grupy H2, student może wybrać dowolny kurs z oferty dydaktycznej Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, któremu jest przypisany jeden z następujących kodów ISCED: 021x, 022x, 031x oraz 032x (gdzie x to dowolna cyfra). Warunkiem ukończenia studiów jest złożenie pracy dyplomowej oraz zdanie egzaminu dyplomowego. Praca dyplomowa jest przygotowywana przez studenta pod kierunkiem promotora, będącego pracownikiem naukowo-dydaktycznym lub naukowym WBBiB i zatrudnionym na stanowisku adiunkta lub profesora. Studenci wybierają promotora swojej pracy magisterskiej do końca pierwszego semestru studiów i mogą zmienić swój wybór tylko jeden raz w całym toku studiów nie później jednak niż na początku drugiego roku studiów. Praca magisterska musi być przygotowana w formie pisemnej zgodnie z wymogami obowiązującymi na WBBiB i dokumentować uzyskane przez studenta oryginalne wyniki przeprowadzonych w ramach realizowanych pracowni magisterskich badań z zakresu szeroko rozumianej bioinformatyki. Integralną częścią pisemnej rozprawy jest zatwierdzony przez Radę Programową studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) najpóźniej do końca 3 semestru studiów, szczegółowy opis bioinformatycznych aspektów badań, których opis i wyniki zawiera rozprawa. Egzamin dyplomowy zdawany jest przez studenta przed powołaną w tym celu komisją. Egzamin dyplomowy poprzedza krótka prezentacja najważniejszych tez pracy dyplomowej.

Semestr 3

Przedmiot	Liczba godzin	Punkty ECTS	Forma weryfikacji	
Nauczanie maszynowe	60	6,0	egzamin	O
Pracownia magisterska 1	300	20,0	zaliczenie	O
Grupa K3 - fakultatywne przedmioty kierunkowe				O
Interaktomika	45	4,0	zaliczenie	F
Grupa S3 - fakultatywne przedmioty interdyscyplinarne				O
Modelowanie i symulacja komputerowa	60	6,0	zaliczenie	F
Równania różniczkowe	60	6,0	zaliczenie	F

Program studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) obejmuje (1) przedmioty obowiązkowe (łącznie 42 ECTS); (2) przedmioty fakultatywne podzielone na grupy przedmiotów kierunkowych, interdyscyplinarnych, uzupełniających oraz z nauk humanistycznych i społecznych (łącznie 20 ECTS), (3) pracownie specjalizacyjną i dwie magisterskie (łącznie 48 ECTS), (4) praktykum przygotowania pracy magisterskiej w formie pisemnej rozprawy (5 ECTS), (5) lektorat języka angielskiego (studenci wybierają poziom (B2+ lub C1) - łącznie 5 ECTS).

Warunkiem ukończenia studiów jest złożenie pracy dyplomowej oraz zdanie egzaminu dyplomowego. Praca dyplomowa jest przygotowywana przez studenta pod kierunkiem promotora, będącego pracownikiem naukowo-dydaktycznym lub naukowym WBBiB i zatrudnionym na stanowisku adiunkta lub profesora. Studenci wybierają promotora swojej pracy magisterskiej do końca pierwszego semestru studiów i mogą zmienić swój wybór tylko jeden raz w całym toku studiów nie później jednak niż na początku drugiego roku studiów. Praca magisterska musi być przygotowana w formie pisemnej zgodnie z wymogami obowiązującymi na WBBiB i dokumentować uzyskane przez studenta oryginalne wyniki przeprowadzonych w ramach realizowanych pracowni magisterskich badań z zakresu szeroko rozumianej bioinformatyki. Integralną częścią pisemnej rozprawy jest zatwierdzony przez Radę Programową studiów Bioinformatyka (drugiego stopnia) najpóźniej do końca 3 semestru studiów, szczegółowy opis bioinformatycznych aspektów badań, których opis i wyniki zawiera rozprawa. Egzamin dyplomowy zdawany jest przez studenta przed powołaną w tym celu komisją. Egzamin dyplomowy poprzedza krótka prezentacja najważniejszych tez pracy dyplomowej.

Semestr 4

Przedmiot	Liczba godzin	Punkty ECTS	Forma weryfikacji	
Filozofia przyrody i nauki	30	3,0	zaliczenie	O
Pracownia magisterska 2	300	20,0	zaliczenie	O
Praktykum pisania pracy magisterskiej	30	5,0	zaliczenie	O
Seminarium magisterskie	30	2,0	zaliczenie	O

O - obowiązkowy
F - fakultatywny

Sylabusy

Bioinformatyka 2

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5cac67bdaa45f.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
--	--

Okres Semestr 1	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się egzamin</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 40, wykład: 20</p>	Liczba punktów ECTS 5.0
---------------------------	--	-----------------------------------

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie studentów z zaawansowanymi zagadnieniami z zakresu bioinformatyki, a w szczególności: programowania przetwarzania danych biologicznych, technikami nauczania maszynowego w zastosowaniach do danych biologicznych, przetwarzaniem i eksploracją danych tekstowych w zastosowaniach bioinformatycznych, przewidywaniem struktury przestrzennej białek metodami modelowania homologicznego, analizą danych z sekwencjonowania nowej generacji, analizą sekwencji i struktury przestrzennej RNA, analizą danych w metagenomice oraz zagadnieniami bioinformatyki mikrobiomu.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	podstawowe typy danych oraz konstrukcje syntaktyczne języka programowania Python, dostrzega korzyści płynące z programowania w tym języku na potrzeby prowadzenia zaawansowanych analiz danych biologicznych	BIN_K2_W03, BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, egzamin
W2	różnorodność typów danych biologicznych oraz formaty w jakich są one zapisywane	BIN_K2_W03, BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, egzamin
W3	hierarchiczny opis struktury przestrzennej białek i RNA, a także metody wykorzystywane do przewidywania takiej struktury i walidacji modeli komputerowych	BIN_K2_W01, BIN_K2_W02	zaliczenie na ocenę, egzamin
W4	wybrane techniki nauczania maszynowego oraz zaawansowane metody analizy numerycznej, które znajdują zastosowanie w analizie danych biologicznych	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, egzamin
W5	wybrane techniki eksploracji i przetwarzania danych tekstowych w zastosowaniach bioinformatycznych	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, egzamin
W6	metody i cele współczesnej bioinformatyki mikrobiomu	BIN_K2_W03	zaliczenie na ocenę, egzamin
W7	wybrane zagadnienia analizy danych w metagenomice	BIN_K2_W03	zaliczenie na ocenę, egzamin
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	zaprojektować i zaimplementować program komputerowy na potrzeby przeprowadzenia zaawansowanej analizy danych biologicznych	BIN_K2_U02, BIN_K2_U05	zaliczenie na ocenę
U2	scharakteryzować strukturę przestrzenną białek i RNA, potrafi zastosować różne metody konstrukcji modeli komputerowych w celu przewidywania takiej struktury.	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U3	przeprowadzić zaawansowaną analizę numeryczną danych biologicznych lub tekstowych z zakresu nauk o życiu i zinterpretować wyniki takiej analizy	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	samodzielnej i zespołowej pracy nad realizacją wskazanego zadania oraz zwięzłego przedstawienia uzyskanych rozwiązań	BIN_K2_K04	zaliczenie na ocenę
K2	samodzielnego poszerzania i pogłębiania swojej wiedzy z zakresu zaawansowanych technik analizy danych biologicznych	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02	zaliczenie na ocenę

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
ćwiczenia	40
wykład	20
przygotowanie do egzaminu	10

przygotowanie do ćwiczeń	20	
studiowanie literatury wskazanej przez prowadzącego zajęcia	20	
przygotowanie się do sprawdzianu zaliczeniowego	20	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 130	ECTS 5.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Wprowadzenie do programowania w Pythonie. Tworzenie w środowisku programistycznym Jupyter prostych skryptów automatyzujących sekwencyjne wykorzystanie różnych narzędzi bioinformatycznych i przetwarzanie wyników ich działania (tworzenie tzw. potoków analitycznych).	W1, U1, K1, K2
2.	Metody przewidywania struktury przestrzennej białek (metody modelowania struktury przestrzennej białek, walidacja modeli komputerowych, testy porównawcze CASP, metaserwery predykcyjne).	W1, W2, W3, U1, U2, K1, K2
3.	Zagadnienia współczesnej bioinformatyki mikrobiomu oraz metody analizy danych w metagenomice.	W2, W6, W7, U2, K1, K2
4.	Bioinformatyka RNA: struktura drugorzędowa (rodzaje, wizualizacja, bazy danych, metody przewidywania), modelowanie struktury przestrzennej (techniki, testy porównawcze RNA-Puzzle), małe RNA (bazy danych, analiza danych w trybie online).	W1, W3, U2, K1, K2
5.	Techniki nauczania maszynowego w analizie danych biologicznych (mikromacierze DNA).	W1, W4, U1, U3, K1, K2
6.	Analiza danych w sekwencjonowaniu nowej generacji.	W2, W4, U3, K1, K2
7.	Eksploracja i przetwarzanie danych tekstowych w zastosowaniach bioinformatycznych.	W1, W2, W5, U1, U3, K1, K2

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

metody e-learningowe, dyskusja, wykład konwersatoryjny, wykład z prezentacją multimedialną, analiza przypadków, rozwiązywanie zadań

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę	Na ocenę ćwiczeń składa się ocena za aktywny udział w zajęciach, rozwiązywanie indywidualnie lub zespołowo zadań problemowych w trakcie ćwiczeń, przygotowywanie i prezentowanie rozwiązań zadań domowych oraz wynik testu praktycznego rozwiązywanego indywidualnie po zakończeniu ćwiczeń. Szczegółowe warunki zaliczenia (w tym: skala ocen) podawane są na pierwszym wykładzie.

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
wykład	egzamin	Na ocenę za wykład składa się ocena z testu pojedynczego wyboru (+2/-1/0) z pytaniami otwartymi i zamkniętymi dotyczącymi zagadnień omawianych na wykładach. Szczegółowe warunki zaliczenia (w tym: skala ocen) podawane są na pierwszym wykładzie.

Wymagania wstępne i dodatkowe

zaliczony kurs podstaw bioinformatyki w wymiarze co najmniej 2 ECTS i 30h zajęć (np. Bioinformatyka 1, Bioinformatyka 1 - kurs mały)

Biologia strukturalna
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5cac67bdb012a.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0511Biologia</p>
--	--

<p>Okres Semestr 1</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się egzamin</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 15, konwersatorium: 15, wykład: 30</p>	<p>Liczba punktów ECTS 5.0</p>
-----------------------------------	--	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie studentów z podstawowymi metodami badawczymi z zakresu biologii strukturalnej.
C2	Uzyskanie przez studentów wiedzy z zakresu biologii strukturalnej umożliwiającej im projektowanie prostych doświadczeń i interpretację parametrów uzyskiwanych w omawianych technikach pomiarowych.
C3	Przygotowanie studentów do pracy laboratoryjnej: poznanie zasad przeprowadzania eksperymentu, opracowania i analizy wyników.

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
-----	-------------------	-------------------------------	--------------------

Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	student posiada: znajomość podstaw teoretycznych magnetycznego rezonansu jądrowego, krystalografii rentgenowskiej oraz kriomikroskopii elektronowej; znajomość podstawowych uwarunkowań praktycznych wymienionych metod, ich zalet i wad; zna zalety i ograniczenia modeli strukturalnych uzyskiwanych wymienionymi metodami.	BIN_K2_W01, BIN_K2_W02, BIN_K2_W03, BIN_K2_W05, BIN_K2_W06, BIN_K2_W07	egzamin pisemny
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	interpretować we właściwy sposób modele strukturalne; porównywać zalety i wady omawianych metod eksperymentalnych oraz uzyskiwanych przy ich pomocy modeli strukturalnych; zaplanować eksperyment NMR, krystalograficzny i cryo-EM; przeprowadzić krystalizację białka; interpretować proste widma jednowymiarowego NMR; interpretować dobrej jakości dane krystalograficzne.	BIN_K2_U01, BIN_K2_U03, BIN_K2_U06	zaliczenie na ocenę, raport
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	student wykazuje umiejętność pracy w zespole; dostrzega potrzeby ciągłego monitorowania postępów w zakresie badań strukturalnych białek i kwasów nukleinowych; odpowiedzialnie korzysta z powierzzonego sprzętu i specjalistycznego oprogramowania.	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02, BIN_K2_K04, BIN_K2_K05, BIN_K2_K06	prezentacja

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	15	
konwersatorium	15	
wykład	30	
przygotowanie do ćwiczeń	10	
przygotowanie raportu	10	
przygotowanie prezentacji multimedialnej	15	
przygotowanie do egzaminu	40	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 135	ECTS 5.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Zajęcia obejmują zapoznanie studentów z podstawowymi zagadnieniami współczesnej biologii strukturalnej. Na wykładach zostaną omówione podstawy teoretyczne oraz uwarunkowania praktyczne a także zalety i wady trzech podstawowych metod umożliwiających uzyskiwanie informacji strukturalnej dla układów biologicznych na poziomie atomowym: Magnetycznego Rezonansu Jądrowego (NMR), Krystalografii Rentgenowskiej oraz Kriomikroskopii Elektronowej. W szczególności sposób zaprezentowana zostanie teoria dyfrakcji kryształów makromolekuł. Następnie wytłumaczone zostaną metody krystalizacji makrocząsteczek oraz zasady pomiarów krystalograficznych. Przedstawione zostaną współczesne źródła promieni X z uwzględnieniem synchrotronów oraz laserów na swobodnych elektronach (XFEL). Na wykładach opisane zostaną metody rozwiązania struktur kryształów makromolekuł wraz z analizą jakości modelu molekularnego uzyskanego w procesie udokładnienia struktury. Ponadto omówione zostaną wybrane zagadnienia dotyczące interpretacji modeli molekularnych oraz zastosowania praktyczne.	W1
2.	Ćwiczenia będą obejmowały zajęcia informatyczne prezentujące wybrane zagadnienia z zakresu analizy danych krystalograficznych, cryoEM oraz NMR. W ramach ćwiczeń wykonane zostaną przykładowe analizy polegające na indeksowaniu refleksów obrazów dyfrakcyjnych, integracji danych krystalograficznych oraz ich skalowania. Studenci na ćwiczeniach rozwiążą demonstracyjne struktury kryształów białek stosując podstawienie molekularne MR lub anomalny sygnał SeMet. Omówiony zostanie iteracyjny proces udokładnienia struktur wykorzystujący oprogramowanie Refmac5 oraz Coot. Finalnie studenci wykonają graficzną prezentację struktury kryształu białka z uwzględnieniem kluczowych elementów dla opisu mechanizmu molekularnego aktywności danej makrocząsteczki. W trakcie ćwiczeń studenci zapoznają się z wybranymi elementami programów wykorzystywanych w analizach krystalograficznych, kriomikroskopii elektronowej oraz służących do prezentacji struktur makromolekuł (pakiet CCP4i2, Refmac5, Coot, pyMOL, UCSF Chimera, cryoSPARC).	U1
3.	Konwersatoria obejmą swoim zakresem podstawy analizy danych uzyskiwanych metodą magnetycznego rezonansu jądrowego, krystalografii rentgenowskiej, seryjnej krystalografii, oraz omówienie metody kriomikroskopii elektronowej.	U1, K1

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

analiza tekstów, seminarium, burza mózgów, wykład konwencjonalny, wykład z prezentacją multimedialną, dyskusja, analiza przypadków, ćwiczenia laboratoryjne

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę, raport	zaliczenie na podstawie oceny przygotowania do zajęć, aktywnego uczestnictwa, oraz raportu
konwersatorium	zaliczenie na ocenę, prezentacja	zaliczenie na podstawie oceny przygotowania do zajęć, aktywnego uczestnictwa, oraz oceny prezentacji;
wykład	egzamin pisemny, zaliczenie na ocenę	warunkiem dopuszczenia do egzaminu jest uzyskanie zaliczenia z ćwiczeń i konwersatoriów, obowiązuje następująca skala ocen (od 0 do 100 pkt): ndst, (do 50 pkt), dst (51-60), dst+ (61-70), db (71-80), db+ (81-90), dbb (91-100)

Wymagania wstępne i dodatkowe

Obecność na ćwiczeniach i konwersatoriach jest obowiązkowa, natomiast na wykładach zalecana

Filogenetyka molekularna

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5cac67bdae952.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0511Biologia</p>
--	--

Okres Semestr 1	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 15, konwersatorium: 15</p>	Liczba punktów ECTS 2.0
---------------------------	---	-----------------------------------

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie studentów: • z metodami współczesnej filogenetyki molekularnej, • ze strategiami konstruowania ukorzenionych i nieukorzenionych drzew filogenetycznych za pomocą różnych, specjalistycznych programów komputerowych, • z aktualnymi wyzwaniami współczesnej filogenetyki, • ze znaczeniem filogenetyki molekularnej w naukach przyrodniczych i medycznych
C2	Nabycie przez studentów umiejętności: • przeszukiwania baz danych sekwencji i oceny ich przydatności w badaniach filogenetycznych, • krytycznej analizy uzyskanych wyników różnymi metodami statystycznymi, • praktycznego wykorzystania zdobytej wiedzy w naukach przyrodniczych i medycznych.

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
-----	-------------------	-------------------------------	--------------------

Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	ma pogłębioną wiedzę w zakresie podstawowych zagadnień molekularnej analizy filogenetycznej w badaniach układów biologicznych na poziomie molekularnym i systemowym, z uwzględnieniem roli bioinformatyki, biofizyki biochemii i biotechnologii	BIN_K2_W01	zaliczenie pisemne
W2	posiada aktualną wiedzę na temat narzędzi bioinformatycznych pozwalających na analizę i badania sekwencji i powiązań filogenetycznych	BIN_K2_W02, BIN_K2_W07	zaliczenie pisemne
W3	zna metody przetwarzania i analizy danych różnego rodzaju; w szczególności danych generowanych w naukach biomedycznych jak np. sekwencje nukleotydowe, sekwencje aminokwasowe	BIN_K2_W02, BIN_K2_W03	zaliczenie pisemne
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	potrafi przeprowadzić analizę danych biologicznych z wykorzystaniem specjalistycznych pakietów oprogramowania oraz serwisów internetowych dedykowanych zastosowaniom bioinformatycznym	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę, raport
U2	wykorzystuje odpowiednie narzędzia bioinformatyczne do wyznaczania odległości ewolucyjnych między sekwencjami, konstrukcji drzew filogenetycznych	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę, raport
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	rozumie potrzebę i rolę modelowania w badaniach naukowych z dziedziny nauk przyrodniczych, a w szczególności z bioinformatyki, biofizyki, biochemii i biotechnologii	BIN_K2_K01	zaliczenie pisemne, raport
K2	rozumie konieczność doskonalenia kompetencji zawodowych i ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny nauk przyrodniczych, a w szczególności bioinformatyki, biofizyki i nauk pokrewnych	BIN_K2_K02, BIN_K2_K03, BIN_K2_K04	raport

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	15	
konwersatorium	15	
przygotowanie raportu	10	
przygotowanie do egzaminu	12	
przygotowanie do ćwiczeń	8	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 60	ECTS 2.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	- wstęp do filogenetyki molekularnej, wyjaśnienie podstawowych pojęć i zagadnień; - teoretyczne podstawy dziedziczenia ze szczególnym uwzględnieniem horizontalnego transferu genów i jego konsekwencji w analizie filogenetycznej;	W1, K1
2.	- sekwencje nukleotydowe i aminokwasowe w analizie filogenetycznej; - uzyskiwanie i przyrównywanie sekwencji kodujących i niekodujących	W3, U1, K1, K2
3.	- najważniejsze metody konstruowania drzew filogenetycznych; - szacowanie wiarygodności drzew filogenetycznych;	W2, W3, U1, U2, K2
4.	- molekularna analiza filogenetyczna, jako narzędzie pracy w biologii molekularnej, biochemii i biotechnologii;	W1, K1, K2
5.	- nauka obsługi najpopularniejszych programów do analizy filogenetycznej; - zegar filogenetyczny i odtwarzanie sekwencji ancestralnych;	U1, U2, K1, K2

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

burza mózgów, wykład z prezentacją multimedialną, analiza przypadków, rozwiązywanie zadań, grywalizacja, ćwiczenia przedmiotowe

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie pisemne, zaliczenie na ocenę	Uzyskanie co najmniej 60% punktów ze sprawdzianu końcowego obejmującego zadania problemowe i zagadnienia teoretyczne.
konwersatorium	zaliczenie pisemne, raport	1. Obowiązkowa obecność na wszystkich ćwiczeniach. 2. Uzyskanie co najmniej 60% punktów w trakcie kursu (sprawozdania i sprawdziany).

Wymagania wstępne i dodatkowe

zaliczenie kursu bioinformatyka w wymiarze co najmniej 3 pkt. ECTS;
obecność na ćwiczeniach jest obowiązkowa;

Modelowanie molekularne 2

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5cac67bdab7e4.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne, Nauki chemiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
--	---

<p>Okres Semestr 1</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć konwersatorium: 15, ćwiczenia: 15</p>	<p>Liczba punktów ECTS 2.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Kurs zapoznaje studenta z potencjałem badawczym zaawansowanych metod modelowania molekularnego - jako dopełnienia metod eksperymentalnych oraz jako samodzielnej metody badawczej szeroko stosowanej w biologii strukturalnej.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	wie, co to jest trajektoria układu i odróżnia średniowanie po zespole od średniowania po czasie. Wie, na czym polega sprawdzenie wiarygodności modelu komputerowego. Rozumie różnicę między lokalnym i globalnym minimum funkcji potencjału i wie, jakim strukturom cząsteczki odpowiadają oba minima.	BIN_K2_W02, BIN_K2_W03	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	zbudować wiarygodny model komputerowy układu cząsteczkowego, m. in. korzystając z bazy danych strukturalnych PDB oraz przeprowadzić wizualizację tego układu. Potrafi zadać określone warunki termodynamiczne układu i uruchomić jego symulację dynamiki molekularnej. Potrafi wyznaczyć podobieństwo dwóch struktur. Student potrafi przeanalizować problem badawczy, dobrać i wykorzystać odpowiednie zaawansowane metody modelowania molekularnego.	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	jest gotów do efektywnej pracy samodzielnej i zespołowej. Student jest gotów do systematycznego rozwijania swojej wiedzy w zakresie modelowania molekularnego.	BIN_K2_K01, BIN_K2_K04	zaliczenie na ocenę, zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
konwersatorium	15	
ćwiczenia	15	
studiowanie literatury wskazanej przez prowadzącego zajęcia	10	
przygotowanie do ćwiczeń	5	
przygotowanie się do sprawdzianu zaliczeniowego	15	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 60	ECTS 2.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Podsumowanie metod modelowania molekularnego	W1, U1, K1
2.	Kontrola temperatury i ciśnienia w układzie symulacyjnym	W1, U1, K1

3.	Analiza wyników symulacji dynamiki molekularnej układów w równowadze – zasada ergodyczności: parametry strukturalne, parametry dynamiczne, błędzenie przypadkowe a ruch dyfuzyjny	W1, U1, K1
4.	Sprawdzanie wiarygodności modeli komputerowych	W1, U1, K1
5.	Zastosowanie modelowania molekularnego w badaniach białek i błon	W1, U1, K1
6.	Modele wody i różne rozwiązania problemu uwodnienia układu	W1, U1, K1
7.	Symulacje procesów biologicznych – oddziaływania daleko-zasięgowe	W1, U1, K1

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład konwersatoryjny, dyskusja, ćwiczenia przedmiotowe

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
konwersatorium	zaliczenie na ocenę	Rozwiązanie testu wyboru dotyczącego omawianych w trakcie konwersatoriów zagadnień
ćwiczenia	zaliczenie	Pisemne opracowanie ćwiczeń wg punktów zawartych w instrukcji. Warunkiem zaliczenia jest uzyskanie odpowiedniej liczby punktów z ćwiczeń (przygotowania, wykonania i opracowania ćwiczeń oraz z kolokwii przeprowadzanych na ćwiczeniach

Wymagania wstępne i dodatkowe

Zaliczenie kursu Modelowanie molekularne I. W uzasadnionych przypadkach zaliczenie kursu Podstawy modelowania molekularnego biocząsteczek.

Obecność na zajęciach jest obowiązkowa.

Next-Generation Sequencing and Data Analysis

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5cac67bdad0e1.21</p> <p>Języki wykładowe Angielski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
--	---

Okres Semestr 1	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 15, wykład: 15</p>	Liczba punktów ECTS 2.0
---------------------------	---	-----------------------------------

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Celem tego kursu jest zapoznanie studenta z nowoczesnymi metodami analizy danych sekwencjonowania nowej generacji (NGS) do profilowania ekspresji genów i ich alternatywnych transkryptów.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	Student będzie wiedział, jak zastosować najnowocześniejsze oprogramowanie akademickie (wiersz poleceń oraz środowisko R) do przetwarzania danych RNA-Seq. Będzie również wiedział, jak zastosować odpowiednie oprogramowanie do dalszej analizy.	BIN_K2_W01, BIN_K2_W03, BIN_K2_W07, BIN_K2_W10	raport
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	student będzie potrafił opisać proces profilowania ekspresji genu / transkryptu za pomocą technologii sekwencjonowania, jego ewolucji (w kierunku NGS) i zastosowania.	BIN_K2_U01	raport
U2	student będzie potrafił wymienić aktualne protokoły RNA-Seq i podejścia do przetwarzania danych.	BIN_K2_U01	raport
U3	student będzie umiał porównać technologie profilowania ekspresji (sekwencje RNA i mikromacierze) oraz zidentyfikować mocne i słabe strony każdej z nich. W ten sposób student będzie w stanie zidentyfikować zalecane scenariusze zastosowań dla obu technologii.	BIN_K2_U01	raport
U4	student będzie w stanie porównać różne podejścia do analizy danych RNA-Seq na podstawie aktualnych osiągnięć technicznych. Będzie również w stanie zidentyfikować wyzwania w tej dziedzinie.	BIN_K2_U02	raport
U5	na podstawie przeprowadzonej analizy student będzie umiał scharakteryzować technologię NGS i wyjaśnić uzyskane wyniki w świetle teorii działania RNA-Seq.	BIN_K2_U02	raport
U6	student będzie potrafił ocenić wyniki analizy genów i transkrypcji. Będzie również w stanie wyciągnąć wnioski dotyczące wpływu rozszerzenia profilowania ekspresji z genu na poziom transkryptu.	BIN_K2_U02, BIN_K2_U03, BIN_K2_U05	raport

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	15	
wykład	15	
przygotowanie raportu	15	
przygotowanie do ćwiczeń	10	
studiowanie literatury wskazanej przez prowadzącego zajęcia	5	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 60	ECTS 2.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Sekwencjonowanie następnej generacji (NGS): teoria i zastosowanie	U1, U2, U3
2.	NGS do profilowania ekspresji genów / transkrypcji: protokoły RNA-Seq i przetwarzanie danych	W1, U1, U2, U3
3.	Mocne i słabe strony RNA-seq: komplementarność z profilowaniem ekspresji przez mikromacierze	U3, U4
4.	Charakterystyka technologii NGS, konsekwencje teorii RNA-seq dla zrozumienia wyników	U4, U5, U6
5.	Porównywanie podejść do analizy: aktualny postęp techniczny i wyzwania	U2
6.	Różnicowa analiza ekspresji: podobieństwo i różnice między mikromacierzami a NGS	W1, U3, U6

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

seminarium, wykład z prezentacją multimedialną, dyskusja, analiza przypadków, ćwiczenia laboratoryjne

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	raport	Ocena końcowa na podstawie raportu końcowego z laboratorium uzupełniona stałą oceną aktywności podczas wykładów, sesji dyskusyjnych oraz laboratorium / ćwiczeń.
wykład	raport	Ocena końcowa na podstawie raportu końcowego z laboratorium uzupełniona stałą oceną aktywności podczas wykładów, sesji dyskusyjnych oraz laboratorium / ćwiczeń.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Wymagana jest umiejętność obsługi komputera i koncepcji analizy danych. Zalecana jest podstawowa wiedza z zakresu biologii. Wymagana jest znajomość języka angielskiego, ponieważ wszystkie materiały i wykłady są dostępne tylko w języku angielskim.



Proteomika oparta na spektrometrii mas
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.1587661529.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Dyscypliny Nauki biologiczne
Forma studiów studia stacjonarne	Klasyfikacja ISCED 0512Biochemia
Profil studiów ogólnoakademicki	
Obligatoryjność obowiązkowy	

Okres Semestr 1	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się egzamin	Liczba punktów ECTS 3.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 15, wykład: 15	

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	metody wykorzystywane w badaniach proteomicznych i ich podstawy biofizyczne	BIN_K2_W01, BIN_K2_W02, BIN_K2_W05	egzamin pisemny
W2	zna budowę oraz zasadę działania wybranych urządzeń pomiarowych stosowanych w analizie złożonych próbek białkowych	BIN_K2_W01, BIN_K2_W02, BIN_K2_W05	egzamin pisemny

W3	zna techniki ilościowej analizy proteomicznej	BIN_K2_W01, BIN_K2_W02, BIN_K2_W03, BIN_K2_W05, BIN_K2_W06	egzamin pisemny
W4	zna podstawowe metody wzbogacania i analizy wybranych grup białek	BIN_K2_W01, BIN_K2_W02, BIN_K2_W03, BIN_K2_W05, BIN_K2_W06	egzamin pisemny
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	przygotować próbkę białkową do rozdzielenia metodą dwuwymiarowej elektroforezy lub metodą bezżelową, przeprowadzić eksperyment proteomiczny	BIN_K2_U01, BIN_K2_U02	raport
U2	przygotować próbkę do pomiaru metodą tandemowej spektrometrii masowej	BIN_K2_U01, BIN_K2_U02	raport
U3	przedyskutować rezultaty swoich oznaczeń w grupie	BIN_K2_U03, BIN_K2_U05	raport, prezentacja
U4	zaprezentować opracowane zagadnienia teoretyczne z zakresu analizy proteomicznej	BIN_K2_U03, BIN_K2_U05	raport, prezentacja
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	współpracy w obrębie zespołu realizującego wybrane oznaczenia, udziału we wspólnym opracowaniu i prezentacji wyników	BIN_K2_K02	prezentacja

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	15	
wykład	15	
przygotowanie do ćwiczeń	5	
przygotowanie raportu	10	
przygotowanie referatu	10	
przeprowadzenie badań literaturowych	10	
przygotowanie do egzaminu	15	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 80	ECTS 3.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	<p>Proteomika - wprowadzenie, możliwości i wyzwania współczesnej proteomiki. Główne techniki stosowane w proteomice: 2DE - podstawy biofizyczne, klasyczny eksperyment proteomiczny, przygotowanie próbek, przeprowadzenie eksperymentu, analiza danych. Główne techniki stosowane w proteomice opartej na spektrometrii mas - podstawy biofizyczne, wyznaczania masy całych białek, identyfikacja białek w proteomice: fingerprint map peptydowych, sekwencjonowanie peptydów, algorytmy przeszukujące, bazy danych, sekwencjonowanie de novo. Eksperyment proteomiczny typu shotgun, mod pomiarowy DDA Strategie proteomiczne w badaniach ilościowych, metody żelowe (metoda 2D-DIGE). Strategie proteomiczne w badaniach ilościowych, metody beżelowe znacznikowe (metody SILAC, ICAT i iTRAQ), zastosowanie w badaniach klinicznych. Proteomiczne badania ilościowe bazujące na spektrometrii mas - metody bezznacznikowe Badanie subproteomów (białka błonowe, białka jądrowe, białka mitochondrialne) Badanie modyfikacji potranslacyjnych - szczególnie fosforylacja i glikozylacja. Techniki celowanej proteomiki (PRM) oraz metoda pomiarowa niezależnej od danych akwizycji (DIA)</p>	W1, W2, W3, W4
2.	<p>Ćwiczenia laboratoryjne mają za zadanie umożliwienie studentom indywidualnego treningu w przeprowadzeniu eksperymentu proteomicznego typu shotgun polegającego na izolacji białek z komórek lub tkanek, opracowaniu uzyskanych widm masowych w celu identyfikacji białek, a także wykorzystaniu narzędzi bioinformatycznych do zbadania właściwości białek oraz ich interakcji.</p>	W1, W2, W3, W4, U1, U2, U3, U4, K1

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład z prezentacją multimedialną, ćwiczenia laboratoryjne

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	egzamin pisemny	test jednokrotnego wyboru
wykład	raport, prezentacja	sprawozdanie z ćwiczeń oraz prezentacja uzyskanych wyników

Szkolenie USOSweb dla studentów WBBiB
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBIN00S.210.5cac67be48629.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0000Programy i kwalifikacje ogólne nieokreślone dalej</p>
--	---

<p>Okres Semestr 1</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć kształcenie na odległość: 5</p>	<p>Liczba punktów ECTS 0.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie studentów z możliwościami systemu USOSweb w stopniu pozwalającym na poprawne i terminowe funkcjonowanie w zakresie edukacyjno-administracyjnym
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	zasady działania systemu USOSweb w stopniu pozwalającym na poprawne i terminowe funkcjonowanie w zakresie edukacyjno-administracyjnym na kierunkach prowadzonych na Wydziale Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ	BIN_K2_W04, BIN_K2_W07, BIN_K2_W10	zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	korzystać z systemu USOSweb w celu usprawnienia studiowania na kierunkach prowadzonych na Wydziale Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ	BIN_K2_U03, BIN_K2_U04, BIN_K2_U06	zaliczenie
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	korzystania z systemu USOSweb w celu usprawnienia studiowania na kierunkach prowadzonych na Wydziale Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ i komunikowania się za pomocą tego systemu z pracownikami i innymi studentami UJ	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02, BIN_K2_K04, BIN_K2_K05, BIN_K2_K06	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
kształcenie na odległość	5	
zbieranie informacji do zadanej pracy	3	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 8	ECTS 0.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 5	ECTS 0.2

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	USOSownia - jako przewodnik po systemie USOSweb - zasady korzystania, zawarte informacje	W1, U1, K1
2.	System USOSweb, jako narzędzie rejestracji na przedmioty obowiązkowe i fakultatywne prowadzone na Wydziale Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ	W1, U1, K1
3.	System USOSweb, jako narzędzie rejestracji żetonowej (lektoraty, wychowanie fizyczne, Artes Liberales i in.), na przedmioty prowadzone poza Wydziałem Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ	W1, U1, K1
4.	System USOSweb, jako narzędzie umożliwiające podpięcie przedmiotów i generowanie deklaracji przedmiotowych	W1, U1, K1
5.	Składanie wniosków o stypendia (naukowe, socjalne i in.), zapomogi, miejsce w akademikach itp. przez system USOSweb	W1, U1, K1

6.	System USOSweb, jako narzędzie umożliwiające monitorowanie przebiegu studiowania przez studentów (np. sprawdzanie ocen, harmonogramów zajęć, monitorowanie płatności, procesu dyplomowania, korespondencja z pracownikami i innymi studentami)	W1, U1, K1
----	--	------------

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład z prezentacją multimedialną, analiza tekstów, analiza przypadków, metody e-learningowe

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
kształcenie na odległość	zaliczenie	Zdobycie umiejętności wyszczególnionych w efektach uczenia się, zaliczenie wszystkich zadań wskazanych do realizacji w trakcie kursu.



Matematyka stosowana w bioinformatyce
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.604b68a4881dc.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Dyscypliny Matematyka
Forma studiów studia stacjonarne	Klasyfikacja ISCED 0541Matematyka
Profil studiów ogólnoakademicki	
Obligatoryjność fakultatywny	

Okres Semestr 1	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 6.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, wykład: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie słuchaczy z metodami matematyki stosowanej w bioinformatyce
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	Pojęcia: przestrzeń wektorowa, macierz, odwzorowanie liniowe, wektor własny, wartość własna, endomorfizm; iloczyn skalarny; twierdzenie Kroneckera, wzory Cramera	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę

W2	Pojęcia: pochodna, pochodna cząstkowa, gradient, różniczka, ekstremum funkcji; wzór Taylora	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę
W3	Całka Riemanna funkcji jednej i wielu zmiennych, twierdzenie Fubinięgo i twierdzenie o zmianie zmiennych w całce; współrzędne biegunowe, sferyczne, walcowe	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę
W4	Pojęcie miary, prawdopodobieństwa, rozkładu prawdopodobieństwa, niezależność zdarzeń, twierdzenie o prawdopodobieństwie całkowitym, wzór Bayesa, zna pojęcie dystrybuanty rozkładu prawdopodobieństwa, gęstości prawdopodobieństwa, zna pojęcie zmiennej losowej i niezależności zmiennych losowych; twierdzenie Poissona, centralne twierdzenie graniczne de Moivre'a-Laplace'a, twierdzenie Lindeberga-Levy'ego	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę
W5	Rozkłady Bernoullego, Poissona, normalny, chi kwadrat, t-Studenta, logit;	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę
W6	Pojęcia: wektor losowy, szereg czasowy, funkcja autokorelacji;	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę
W7	Podstawowe funkcje dostępne w wybranych programach do obliczeń symbolicznych i naukowych (np. Mathematica, R, Jupyter)	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	Dodać macierze, pomnożyć macierz przez liczbę, złożyć macierze, policzyć iloczyn skalarny wektorów, policzyć wyznacznik macierzy, wyznaczyć wektory i wartości własne macierzy; wyznaczyć postać Jordana endomorfizmu;	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U2	Wyznaczyć pochodną funkcji, wyznaczyć pochodne cząstkowe, gradient, różniczkę, ekstremum funkcji; potrafi rozwinąć wybrane funkcje wg wzoru Taylora	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U3	Wyznaczyć całkę Riemanna funkcji jednej i wielu zmiennych, stosując twierdzenie Fubinięgo i twierdzenie o zmianie zmiennych w całce wprowadzając współrzędne biegunowe, sferyczne, walcowe lub inne	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U4	Wyznaczyć prawdopodobieństwo zdarzenia losowego, w tym prawdopodobieństwo geometryczne, wyznaczyć rozkładu prawdopodobieństwa, wyznaczyć dystrybuantę rozkładu prawdopodobieństwa; potrafi wyznaczyć wartość oczekiwaną, wariancję zmiennej losowej; skorzystać z gęstości prawdopodobieństwa w celu wyznaczenia prawdopodobieństwa, zastosować twierdzenie Poissona, centralne twierdzenie graniczne de Moivre'a-Laplace'a lub twierdzenie Lindeberga-Levy'ego, zastosować rozkład Bernoullego, Poissona, normalny do wyznaczenia prawdopodobieństwa	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U5	Zastosować rozkład normalny, chi kwadrat, t-Studenta, logit do wyznaczenia przedziału ufności dla wartości oczekiwanej lub wariancji	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U6	Wyznaczyć rozkład wektora losowego, funkcję autokorelacji	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U7	Wykorzystać wybrane funkcje dostępne w programach do obliczeń symbolicznych i naukowych (np. Mathematica, R, Jupyter) do obliczeń	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę

Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	Student jest świadomy ograniczeń zawartych w modelach matematycznych stosowanych do opisu zjawisk badanych w obszarze nauk przyrodniczych i technicznych	BIN_K2_K01	zaliczenie na ocenę
K2	Student jest świadomy możliwych nieuprawnionych wniosków wyciąganych na podstawie obliczeń dokonanych w oparciu o zebrane dane, np. doświadczalne	BIN_K2_K05	zaliczenie na ocenę

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	30	
wykład	30	
przygotowanie do ćwiczeń	102	
Przygotowanie do sprawdzianów	18	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 180	ECTS 6.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Odwzorowania liniowe, wektory i wartości własne endomorfizmu, postać Jordana endomorfizmu	W1, U1, K1
2.	Rachunek różniczkowy, gradient, różniczka; wzór Taylora; ekstrema funkcji wielu zmiennych	W2, U2, K1
3.	Rachunek całkowy (twierdzenie Fubinięgo, twierdzenie o zmianie zmiennych w całce)	W3, U3, K1
4.	Podstawy rachunku prawdopodobieństwa (zmienna losowa, dystrybuanta, gęstość)	W4, U4, K1, K2
5.	Podstawy statystyki matematycznej (przeгляд rozkładów prawdopodobieństwa: Poissona, normalny, chi kwadrat, t-Studenta, rozkład logit)	W5, U5, K1, K2
6.	Wektory losowe, szeregi czasowe, funkcja autokorelacji.	W6, U6, K1, K2
7.	Zastosowanie wybranych pakietów oprogramowania do obliczeń naukowych (np. Mathematica, R, Jupyter).	W7, U7, K1, K2

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

ćwiczenia przedmiotowe, wykład konwencjonalny

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę	regularny i aktywny udział w ćwiczeniach w ciągu całego semestru, zaliczenie sprawdzianów cząstkowych w trakcie semestru na ocenę pozytywną
wykład	zaliczenie na ocenę	regularny udział w wykładach w ciągu całego semestru, zaliczenie sprawdzianów cząstkowych w trakcie semestru na ocenę pozytywną

Wymagania wstępne i dodatkowe

Ukończony kurs analizy matematycznej, algebry liniowej lub matematyki w ramach studiów pierwszego stopnia.



Przetwarzanie języka naturalnego
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5cac67bdc230b.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak
Forma studiów studia stacjonarne	Dyscypliny Informatyka
Profil studiów ogólnoakademicki	Klasyfikacja ISCED 0613Tworzenie i analiza oprogramowania i aplikacji
Obligatoryjność fakultatywny	

Okres Semestr 1	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 6.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, wykład: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Celem zajęć jest zapoznanie studentów z podstawami analizy tekstu naturalnego. Zostaną przedstawione metody przetwarzania, analizy i rozumienia języka naturalnego (na podstawie języka angielskiego). Szczególny nacisk położony będzie na statystyczną analizę tekstu naturalnego, systemy uczące się, oraz stosowane współcześnie modele i algorytmy.
C2	W trakcie zajęć laboratoryjnych zostaną podane szczegóły techniczne poszczególnych rozwiązań oraz zostanie przedstawiony szereg narzędzi (w postaci bibliotek języka Python) wspomagających tworzenie oprogramowania do analizy języka naturalnego. Studenci będą implementować poszczególne rozwiązania z nastawieniem na pracę własną (nacisk położony jest na realizację określonych zadań, nie zaś na użycie z góry narzuconej formy).

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	student stosuje podstawowe oraz zaawansowane techniki obliczeniowe i specjalistyczne narzędzia informatyczne do rozwiązywania typowych problemów przetwarzania języka naturalnego.	BIN_K2_W10	projekt
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	student posiada pogłębioną umiejętność przygotowania, realizacji i weryfikacji programów komputerowych napisanych w języku Python przetwarzających język naturalny.	BIN_K2_U05	projekt
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	student zdaje sobie sprawę z konieczności uczenia się przez całe życie i adaptowania swojej wiedzy do zmian cywilizacyjnych zwłaszcza w kontekście szybko rozwijających nowoczesnych języków programowania.	BIN_K2_K01	projekt
K2	student zna wagę terminowej realizacji projektów oraz zadań programistycznych.	BIN_K2_K04	projekt

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	30	
wykład	30	
przygotowanie projektu	30	
zbieranie informacji do zadanej pracy	10	
uczestnictwo w egzaminie	2	
przygotowanie do egzaminu	18	
wykonanie ćwiczeń	30	
przygotowanie dokumentacji	4	
programowanie	26	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 180	ECTS 6.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	<ol style="list-style-type: none">1. Wyrażenia regularne2. Preprocessing tekstu, tokenizacja, lematyzacja, stemizacja3. Statystyczny model języka a klasyfikacja Bayesowska4. Ocena jakości statystycznych modeli języka5. Modele generatywne i dyskryminatywne6. Tagowanie sekwencji7. Wektoryzacja dokumentów i miary ich podobieństwa8. Nowoczesne metody analizy języka oparte o deep learning	W1, U1, K1, K2

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

analiza tekstów, metoda projektów, burza mózgów, wykład konwencjonalny, wykład z prezentacją multimedialną, dyskusja, analiza przypadków, rozwiązywanie zadań, ćwiczenia laboratoryjne, ćwiczenia przedmiotowe, konsultacje

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	projekt	Student otrzymuje ocenę końcową z ćwiczeń na podstawie punktów przyznanych za systematyczne oddawanie projektów programistycznych oraz zadań wykonywanych w trakcie laboratoriów. Warunkiem otrzymania zaliczenia ćwiczeń jest uzyskanie łącznie co najmniej 50% możliwych do zdobycia punktów.
wykład		Ocena końcowa z kursu jest wystawiana na podstawie punktów uzyskanych z ćwiczeń oraz wyniku egzaminu, każdy składnik liczny jest z wagą 50%. Do zaliczenia przedmiotu wymagane jest uzyskanie łącznie 50% możliwych do zdobycia punktów.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Podstawowa wiedza z programowania w języku Python

Układ immunologiczny w patofizjologii chorób człowieka
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5cac67bdc3e77.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0510Nauki biologiczne i powiązane nieokreślone dalej</p>
---	--

<p>Okres Semestr 1</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć konwersatorium: 12, wykład: 18</p>	<p>Liczba punktów ECTS 3.0</p>
-----------------------------------	--	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Poszerzenie wiedzy studentów o współczesne zagadnienia z dziedziny immunologii w kontekście chorób cywilizacyjnych (chroniczne stany zapalne związane z rozszczelnieniem naturalnych barier organizmu, choroby o podłożu autoimmunizacyjnym, choroby o podłożu zapalnym, choroby nowotworowe). Pokazanie zaangażowania narzędzi bioinformatycznych do badań procesów immunologicznych.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	znaczenie kompleksowych badań proteomu, genomu i transkryptomu w identyfikacji subpopulacji komórek układu odporności, metabolomu komórek immunologicznych obecnych w barierach ciała oraz w kontekście znaczenia układu immunologicznego w patofizjologii chorób człowieka.	BIN_K2_W01, BIN_K2_W03	zaliczenie na ocenę, raport, prezentacja, zaliczenie
W2	student wie jakie jest znaczenie kompleksowych badań genomu pojedynczych komórek nowotworowych, polimorfizmów w genach i białkach związanych z mechanizmami śmierci komórek nowotworowych w kontekście ewolucji inwazyjności i oporności na terapię.	BIN_K2_W01, BIN_K2_W03	zaliczenie na ocenę, raport, prezentacja, zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	opisać przykładowe zastosowania nowoczesnych metod biologii molekularnej oraz biochemii w badaniach układu immunologicznego	BIN_K2_U01	zaliczenie na ocenę, raport, prezentacja, zaliczenie
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny immunologii oraz ich integracji z wiedzą naukową pochodzącą z nauk „omicznych”.	BIN_K2_K01	zaliczenie na ocenę, raport, prezentacja, zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
konwersatorium	12	
wykład	18	
przygotowanie do ćwiczeń	20	
przygotowanie się do sprawdzianu zaliczeniowego	20	
przygotowanie raportu	10	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 80	ECTS 3.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
-----	-------------------	-----------------------------------

1.	<p>Kurs będzie obejmował 3 teoretyczne bloki tematyczne i konwersatorium, które będzie poświęcone wykorzystaniu narzędzi bioinformatycznych w wymienionych obszarach immunologii:</p> <p>1/Immunologia barier ciała, 2/ Immunologia nowotworów, 3/Choroby o podłożu autoimmunizacyjnym/zapalnym.</p> <p>Podczas zajęć konwersatoryjnych zostaną omówione takie zagadnienia jak: wykorzystanie sekwencjonowania nowej generacji w analizie odpowiedzi immunologicznej nabłonków i medycynie spersonalizowanej, analiza nowych biomarkerów w chorobach autoimmunizacyjnych, analiza immunologicznych i nowotworowych baz danych.</p>	W1, W2, U1, K1
----	--	----------------

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

analiza tekstów, seminarium, wykład konwencjonalny, wykład konwersatoryjny, wykład z prezentacją multimedialną, analiza przypadków

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
konwersatorium	raport, prezentacja, zaliczenie	Do zaliczenia kursu wymagane jest jednoczesne spełnienie obu niżej wymienionych warunków: - uzyskanie pozytywnej oceny z pisemnego kolokwium zaliczeniowego, obejmującego zakres wykładów (otrzymanie co najmniej 50% z maksymalnej liczby punktów), - uzyskanie pozytywnej oceny z konwersatoriów (przedstawienie prezentacji lub raportu na jeden spośród zaproponowanych przez prowadzącego tematów). Ocena końcowa z kursu jest średnią ważoną oceny z kolokwium zaliczeniowego (75%) oraz oceny z konwersatoriów (25%). Warunkiem dopuszczenia do kolokwium zaliczeniowego jest obecność na wszystkich konwersatoriach, z wyjątkiem co najwyżej jednego spotkania. Dopuszczalna nieobecność musi być usprawiedliwiona chorobą lub nadzwyczajnymi okolicznościami losowymi. Nie ma możliwości odrabiania tych zajęć.
wykład	zaliczenie na ocenę	Do zaliczenia kursu wymagane jest jednoczesne spełnienie obu niżej wymienionych warunków: - uzyskanie pozytywnej oceny z pisemnego kolokwium zaliczeniowego, obejmującego zakres wykładów (otrzymanie co najmniej 50% z maksymalnej liczby punktów), - uzyskanie pozytywnej oceny z konwersatoriów (przedstawienie prezentacji na jeden spośród zaproponowanych przez prowadzącego tematów). Ocena końcowa z kursu jest średnią ważoną oceny z kolokwium zaliczeniowego (75%) oraz oceny z konwersatoriów (25%). Warunkiem dopuszczenia do kolokwium zaliczeniowego jest obecność na wszystkich konwersatoriach, z wyjątkiem co najwyżej jednego spotkania. Dopuszczalna nieobecność musi być usprawiedliwiona chorobą lub nadzwyczajnymi okolicznościami losowymi. Nie ma możliwości odrabiania tych zajęć.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Zaliczony kurs z immunologii. W przypadku studentów, którzy ukończyli I stopień studiów na innym wydziale lub uczelni i nie mają zaliczonego żadnego kursu z immunologii, dopuszcza się możliwość jednoczesnego uczestniczenia w zarówno w wykładach z podstaw immunologii (zalecane kursy: WBT-BFMK5.5 lub WBT-BCH375, WBT-BT120) jak i kursie „Układ immunologiczny w patofizjologii chorób człowieka”.



UNIWERSYTET
JAGIELLOŃSKI
W KRAKOWIE

Podstawy chemii medycznej

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5ca756a3a3a0d.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Dyscypliny Nauki chemiczne
Forma studiów studia stacjonarne	Klasyfikacja ISCED 0531Chemia
Profil studiów ogólnoakademicki	
Obligatoryjność fakultatywny	

Okres Semestr 1	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 7.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć konwersatorium: 45, wykład: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Celem kursu jest zapoznanie studentów z wielokierunkowymi aspektami Chemii Medycznej. Student zdobędzie wiedzę na temat podstawowych struktur będących docelowym miejscem działania endo- i egzogennych cząsteczek aktywnych biologicznie. Zapozna się z wpływem zmienności konformacyjnej i podstawowymi parametrami fizykochemicznymi, które pozwalają na wzajemne rozpoznawanie i efektywne oddziaływanie małej cząsteczki (leku) z targetami biologicznymi, ze szczególnym naciskiem na wykorzystanie tych informacji w racjonalnym projektowaniu leków. Student zapozna się z podstawowymi pojęciami związanymi z farmakodynamiką i farmakokinetyką oraz poszukiwaniem zależności pomiędzy strukturą i aktywnością, z uwzględnieniem współcześnie stosowanych metod komputerowo wspomaganego projektowania leków. Student zapozna się z kolejnymi krokami, związanymi z projektowaniem leków: od metod projektowania, poprzez syntezę z uwzględnieniem wykorzystania nowych metod w syntezie organicznej oraz zapozna się z etapami badań przedklinicznych (in vitro oraz in vivo).
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	wykorzystanie podstawowych metod kwantowochemicznych, półempirycznych i mechaniki molekularnej do opisu właściwości, struktury związków małocząsteczkowych, jak i biomolekuł oraz oddziaływań niekowalencyjnych pomiędzy nimi.	BIN_K2_W03, BIN_K2_W07	zaliczenie na ocenę
W2	zrozumienie związku między strukturą a aktywnością połączeń chemicznych w tym również związków biologicznie czynnych i biocząsteczek zarówno jakościowo (SAR) jak i ilościowo (QSAR, 3D-QSAR), modele farmakoforowe.	BIN_K2_W03	zaliczenie na ocenę
W3	poznanie istoty procesów fizjologicznych, prawidłowego i nieprawidłowego funkcjonowania poszczególnych narządów organizmu ludzkiego oraz zrozumienie przemian biochemicznych zachodzących w organizmie człowieka. Potrafi wskazać cele molekularne w najważniejszych chorobach, scharakteryzować podstawowe grupy leków. Potrafi opisać drogę ksenobiotyków w organizmie i wskazać od czego ona zależy.	BIN_K2_W02	prezentacja
W4	dysponuje wiedzą z zakresu podstawowych zagadnień chemii medycznej i roli interdyscyplinarnego charakteru projektowania nowych leków i innych związków biologicznie aktywnych. Rozróżnia i charakteryzuje metody projektowania oparte na ligandach oraz na strukturze celu biologicznego. Zna eksperymentalne metody określania struktury związków małocząsteczkowych i makromolekuł oraz ich kompleksów.	BIN_K2_W03	zaliczenie na ocenę
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	1 Potrafi obliczać wielkości charakteryzujące układy biologiczne w oparciu o równania biochemiczne, kinetyczne i farmakodynamiczne.	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U2	posiada umiejętność powiązania struktury związków chemicznych z ich reaktywnością i aktywnością biologiczną.	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U3	posiada podstawowe umiejętności pozwalające na korzystanie z literatury fachowej, baz danych oraz innych źródeł informacji w celu pozyskania niezbędnych informacji oraz podstawową zdolność oceny rzetelności pozyskanych informacji.	BIN_K2_U04	prezentacja
U4	posiada umiejętność przygotowania typowych prac pisemnych i wystąpień ustnych w języku polskim i języku angielskim dotyczących zagadnień szczegółowych na temat zadanej grupy leków, mechanizmowi ich działania, z wykorzystaniem literatury naukowej i innych źródeł	BIN_K2_U03	prezentacja
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	potrafi odpowiednio określić priorytety służące planowaniu i realizacji określonego przez siebie lub innych zadania.	BIN_K2_K04	prezentacja

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
konwersatorium	45	
wykład	30	
przygotowanie prezentacji multimedialnej	15	
przygotowanie do testu zaliczeniowego	33	
przygotowanie do ćwiczeń	15	
przygotowanie do sprawdzianu	20	
przygotowanie do zajęć	15	
uczestnictwo w egzaminie	2	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 175	ECTS 7.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 75	ECTS 3.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	<p>Kurs przedstawia leki i związki biologicznie aktywne od strony ich budowy chemicznej oraz wynikającej z niej przestrzeni konformacyjnej, własności fizykochemicznych i potencjału do oddziaływania z otoczeniem. Charakteryzuje podstawowe cele biologiczne (m.in. neuroprzebieżnikowe, hormonalne, immunomodulujące, enzymy, kwasy nukleinowe, kanały jonowe, bakterie, wirusy) w powiązaniu z ich rolą w organizmie i stanach chorobowych. Szczególna uwaga jest poświęcona bezpośredniemu oddziaływaniu leku z celem biologicznym, jak i losowi ksenobiotyku w organizmie. Na tej podstawie omawiane są strategie w projektowaniu odpowiednich związków aktywnych do danego celu terapeutycznego ze specjalnym naciskiem na komputerowe metody wspomaganie tego procesu obejmujące m.in.: symulację oddziaływania ligand-białko, wirtualne badania przesiewowe, przewidywanie własności ADMET</p>	<p>W1, W2, W3, W4, U1, U2, U3, U4, K1</p>

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

metody e-learningowe, analiza tekstów, seminarium, wykład z prezentacją multimedialną, analiza przypadków, konsultacje

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
konwersatorium	zaliczenie na ocenę, prezentacja	uzyskanie pozytywnego wyniku kolokwium z realizowanego materiału oraz wykonanie prezentacji na zadany temat
wykład	zaliczenie na ocenę	uzyskanie minimum 60% maksymalnego wyniku testu

Modelowanie molekularne 1

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBIN00S.210.5cac67be87b1a.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
---	---

<p>Okres Semestr 1</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć wykład: 15, konwersatorium: 15, ćwiczenia: 30</p>	<p>Liczba punktów ECTS 5.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Celem wykładów jest zapoznanie studentów z podstawami fizycznymi, chemicznymi, matematycznymi modelowania molekularnego oraz zastosowaniami metod komputerowych w badaniach bioukładów molekularnych na poziomie atomowym.
C2	Celem ćwiczeń jest nabycie przez studenta praktycznych umiejętności posługiwania się programami do modelowania molekularnego oraz korzystania z baz danych struktur białkowych.

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	student rozumie pojęcie modelu w sensie ogólnym oraz modelu komputerowego. Zna zasady tworzenia modelu komputerowego cząsteczek. Wie co to jest struktura przestrzenna cząsteczki oraz jakie są podstawowe oddziaływania międzyatomowe. Rozumie, co to jest rozdzielczość atomowa modelu cząsteczkowego. Wie, co to jest funkcja potencjału i zna jej zasadnicze człony. Rozumie proces optymalizacji. Zna podstawy mechaniki molekularnej oraz dynamiki molekularnej.	BIN_K2_W02	zaliczenie na ocenę
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	posługiwać się wybranymi popularnymi programami do modelowania molekularnego. Potrafi korzystać z bazy danych strukturalnych PDB. Potrafi przeprowadzić wizualizację znalezionej w bazie makrocząsteczki. Potrafi zbudować, sparametryzować, zoptymalizować wybraną cząsteczkę (peptyd) oraz przeprowadzić jej symulacje dynamiki molekularnej.	BIN_K2_U01, BIN_K2_U02	zaliczenie
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	uczciwej oraz efektywnej pracy indywidualnej i zespołowej.	BIN_K2_K03, BIN_K2_K04, BIN_K2_K05, BIN_K2_K06	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
wykład	15	
konwersatorium	15	
ćwiczenia	30	
przygotowanie do ćwiczeń	10	
przygotowanie raportu	10	
przygotowanie do egzaminu	20	
uczestnictwo w egzaminie	2	
samodzielna nauka dotycząca treści poruszanych na zajęciach	25	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 127	ECTS 5.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Definicja i perspektywy modelowania molekularnego	W1
2.	Struktura przestrzenna cząsteczki i oddziaływania międzyatomowe	W1, U1, K1
3.	Funkcja potencjału, parametry oddziaływań: a. wymiar problemu i stosowane przybliżenia, b. oddziaływania daleko-zasięgowe – stosowane modele	W1, U1, K1
4.	Metody obliczeniowe a. mechanika molekularna (MM) – optymalizacja struktury, a. lokalna i globalna stabilność, b. symulacja dynamiki molekularnej (MD) – generowanie ruchu, c. krok czasowy – stosowane przybliżenia	W1, U1, K1
5.	Uzasadnienie podejścia klasycznego, ładunki atomowe	W1

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład z prezentacją multimedialną, wykład konwersatoryjny

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
wykład	zaliczenie	Pisemne opracowanie ćwiczeń wg punktów zawartych w instrukcji. Warunkiem zaliczenia jest uzyskanie min 60% z maksymalnej liczby punktów z ćwiczeń (przygotowania, wykonania, opracowania) oraz z kolokwium przeprowadzanych na ćwiczeniach sprawdzających nabytą wiedzę.
konwersatorium	zaliczenie	udział w dyskusjach, chęć i aktywność w zdobywaniu wiedzy
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę	Warunkiem dopuszczenia do egzaminu jest zaliczenie ćwiczeń. Na zaliczenie kursu składa się ocena z ćwiczeń ($2 \times 16 + 8 = 40$ pkt; wykonanie, sprawozdania, odpowiedzi) oraz wynik egzaminu pisemnego (60 pkt). Dodatkowe punkty można uzyskać za aktywność na wykładach (odpowiedzi na zadawane pytania, komentarze dotyczące treści wykładu). Oceny końcowe wyznaczane są w oparciu o poniższą punktację: 5.0 (od 90 pkt), 4.5 (85-89 pkt), 4.0 (80-84 pkt), 3.5 (75-79 pkt), 3.0 (65-74 pkt), 2.0 (poniżej 64 pkt).

Wymagania wstępne i dodatkowe

Zaliczone kursy chemii, matematyki, fizyki

Podstawy immunologii
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5cb879c04648a.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0510Nauki biologiczne i powiązane nieokreślone dalej</p>
---	--

<p>Okres Semestr 1</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 15, wykład: 30</p>	<p>Liczba punktów ECTS 4.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Celem kursu jest zapoznanie słuchaczy z mechanizmami nieswoistej i swoistej odpowiedzi układu odporności na stymulację przez patogeny oraz inne antygeny.
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	zasadę rozpoznawania patogenów przez układ odporności i potrafi wymienić podstawowe mechanizmy nieswoistej (wrodzonej) i swoistej (nabytej) odpowiedzi immunologicznej służące eliminacji patogenów. Rozróżnia pojęcia odpowiedzi odpornościowej i tolerancji immunologicznej. Potrafi wymienić i opisać podstawowe cząsteczkowe i komórkowe mediatory stanu zapalnego. Rozumie podstawowe mechanizmy różnicowania i migracji komórek układu immunologicznego w powiązaniu z funkcją tych komórek w odporności. Zna i rozumie biofizyczne i biochemiczne podstawy struktury i funkcji przeciwciał. Umie odróżnić prawidłową i nieprawidłową odpowiedź odpornościową.	BIN_K2_W07	zaliczenie pisemne, zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	wykonać doświadczenie i zinterpretować wyniki uzyskane w oparciu o reakcję antygen - przeciwciało	BIN_K2_U03	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	15	
wykład	30	
przygotowanie do egzaminu	35	
przygotowanie do ćwiczeń	15	
przygotowanie do sprawdzianu	15	
przygotowanie raportu	10	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 120	ECTS 4.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 45	ECTS 1.7

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
-----	-------------------	-----------------------------------

1.	<p>Tematyka wykładów obejmuje omówienie:</p> <ul style="list-style-type: none"> - wybranych mechanizmów odporności nieswoistej - zasad swoistego rozpoznawania antygenów przez limfocyty - podstaw anatomii narządów limfatycznych u ssaków oraz krążenia komórek układu odporności w ustroju - mechanizmu indukcji swoistej odpowiedzi humoralnej - mechanizmu indukcji swoistej odpowiedzi komórkowej - podstaw regulacji swoistej odpowiedzi układu odporności - podstawowych reakcji antygen-przeciwciała - wybranych metod oceny in vitro i in vivo humoralnej i komórkowej odpowiedzi układu odporności 	W1
2.	Ćwiczenia służą ilustracji technik opartych o reakcję antygen - przeciwciała mających zastosowanie we współczesnej biologii	U1

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

ćwiczenia laboratoryjne, wykład z prezentacją multimedialną, wykład konwersatoryjny

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie	wykonanie ćwiczenia, opracowanie uzyskanych wyników eksperymentalnych i przygotowanie prezentacji lub sprawozdania, poprawne napisanie sprawdzianu
wykład	zaliczenie pisemne	Aby uzyskać pozytywną ocenę z zaliczenia student musi uzyskać ponad 50% punktów podczas zaliczenia pisemnego. Pytania zaliczeniowe obejmują pytania testowe (test jednokrotnego wyboru) oraz krótkie pytania otwarte. Warunkiem dopuszczenia do pisemnego zaliczenia jest pozytywna klasyfikacja przez prowadzącego ćwiczenia z immunologii

Wymagania wstępne i dodatkowe

Wymagana znajomość podstaw biochemii. Kurs jest dedykowany dla studentów bez zaliczonego kursu "Podstawy immunologii", na studiach I stopnia, zainteresowanych kursem "Układ immunologiczny w patofizjologii chorób człowieka" i/lub wykonywaniem pracy magisterskiej w Zakładzie Immunologii.

Programowanie w Pythonie
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.210.5cac67bdbe183.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak</p> <p>Dyscypliny Informatyka</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0613Tworzenie i analiza oprogramowania i aplikacji</p>
---	--

Okres Semestr 1	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, konwersatorium: 15</p>	Liczba punktów ECTS 3.0
---------------------------	---	-----------------------------------

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie studentów z językiem programowania Python (v3), technikami programowania obiektowego oraz wybranymi modułami standardowej biblioteki programistycznej tego języka.
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	podstawowe typy danych i konstrukcje syntaktyczne języka programowania Python.	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, zaliczenie

W2	terminologię używaną przy tworzeniu i uruchamianiu programów komputerowych.	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
W3	techniki programowania obiektowego i funkcyjnego wspierane przez interpreter języka programowania Python.	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	skonfigurować na własne potrzeby minimalistyczne środowisko programistyczne obejmujące terminal i edytor tekstu.	BIN_K2_U05	zaliczenie na ocenę
U2	napisać kod źródłowy prostego programu i go uruchomić.	BIN_K2_U05	zaliczenie na ocenę
U3	poprawnie diagnozować i usuwać błędy zgłaszane przez interpreter przy uruchamianiu programu.	BIN_K2_U05	zaliczenie na ocenę
U4	tworzyć programy komputerowe wykorzystujące wybrane moduły standardowej biblioteki programistycznej Pythona.	BIN_K2_U05	zaliczenie na ocenę
U5	wyszukiwać rozwiązania typowych problemów programistycznych, porozumiewać się z innymi programistami Pythona w celu rozwiązywania takich problemów.	BIN_K2_U05	zaliczenie na ocenę
U6	wykorzystywać wybrane niestandardowe biblioteki i moduły języka programowania Python rozwijane na potrzeby zastosowań specjalistycznych.	BIN_K2_U05	zaliczenie na ocenę
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	samodzielnej i zespołowej pracy nad realizacją zadanego projektu programistycznego.	BIN_K2_K04, BIN_K2_K05	zaliczenie
K2	systematycznego rozwijania swojej wiedzy i umiejętności z zakresu programowania w Pythonie oraz zaawansowanych technologii informatycznych	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	30	
konwersatorium	15	
studiowanie literatury wskazanej przez prowadzącego zajęcia	5	
przygotowanie do ćwiczeń	25	
przygotowanie się do sprawdzianu zaliczeniowego	15	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 90	ECTS 3.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 45	ECTS 1.7

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Wprowadzenie do programowania w Pythonie.	W2, U1, U2
2.	Podstawowe typy danych i konstrukcje syntaktyczne Pythona.	W1, U2, K1
3.	Diagnostowanie i usuwanie błędów zgłaszanych przy uruchamianiu programu w Pythonie.	W1, W2, U2, U3, K1
4.	Techniki programowania obiektowego i funkcyjnego wspierane przez interpreter Pythona.	W1, W2, W3, U2, U3, U4, U5, K1
5.	Przegląd modułów standardowej biblioteki programistycznej Pythona.	W1, W2, W3, U2, U3, U4, U5, U6, K1, K2

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład konwersatoryjny, dyskusja, analiza przypadków, rozwiązywanie zadań, ćwiczenia przedmiotowe

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę	aktywny udział w zajęciach, prezentowanie rozwiązań zadanych zadań programistycznych, dwa testy praktyczne obejmujące zadania programistyczne do samodzielnego rozwiązania
konwersatorium	zaliczenie	aktywny udział w zajęciach, warunkiem koniecznym do uzyskania zaliczenia jest obecność na większości konwersatoriów)

Biologia syntetyczna
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBIN00S.200.5cac67bdf317c.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
--	--

<p>Okres Semestr 2</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 18, konwersatorium: 12, wykład: 15</p>	<p>Liczba punktów ECTS 4.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie studentów z podstawowymi zagadnieniami współczesnej biologii syntetycznej oraz aparatem matematycznym niezbędnym podczas modelowania ścieżek i sieci metabolicznych i regulacyjnych. Po zakończeniu kursu student potrafi wysymulować prostą modyfikację układu biologicznego, stworzyć i rozwiązać matematyczny model, opisujący ten układ, oraz zaproponować eksperyment in silico, potwierdzający konsekwencje dokonanych zmian.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	organizację układów biologicznych na różnych poziomach złożoności (cząsteczki, systemy, komórki, układy wielokomórkowe) i rozumie powiązania między nimi	BIN_K2_W01, BIN_K2_W02, BIN_K2_W05	zaliczenie na ocenę
W2	podstawowe założenia, cele i wyzwania biologii syntetycznej	BIN_K2_W02, BIN_K2_W07, BIN_K2_W09	zaliczenie na ocenę
W3	systemy tworzące komórkę żywą (informacyjny, metaboliczny oraz błonę) i potrafi wskazać ich praktyczną realizację w komórkach naturalnych i syntetycznych	BIN_K2_W06, BIN_K2_W08, BIN_K2_W09	zaliczenie na ocenę
W4	energetyczne ograniczenia struktury i funkcji komórek żywych oraz znaczenie modyfikacji komórek w kontekście potencjalnych zastosowań, zmian ewolucyjnych i patologii	BIN_K2_W01, BIN_K2_W05	zaliczenie na ocenę
W5	konstruktywną i destruktywną rolę szumu molekularnego na funkcjonowanie układów biologicznych i zna rolę szumu w projektowaniu syntetycznych układów biologicznych lub ich elementów	BIN_K2_W02, BIN_K2_W05	zaliczenie na ocenę
W6	bioetyczne aspekty biologii syntetycznej, potrafi wskazać jej znaczenie dla medycyny, biotechnologii i użyteczność tej dyscypliny	BIN_K2_W04, BIN_K2_W07	zaliczenie na ocenę
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	stworzyć i rozwiązać matematyczny model metabolicznej lub genetycznej ścieżki sygnalizacyjnej i regulacyjnej (numerycznie i, w prostych przypadkach, analitycznie)	BIN_K2_U02, BIN_K2_U03	zaliczenie na ocenę
U2	przewidzieć wpływ zmiany elementu sieci metabolicznej lub genetycznej na funkcję modyfikowanego układu biologicznego	BIN_K2_U02, BIN_K2_U03	zaliczenie na ocenę
U3	zapropozować i rozwiązać model przełącznika genetycznego i oscylatora komórkowego	BIN_K2_U02, BIN_K2_U03, BIN_K2_U04	zaliczenie na ocenę
U4	zrozumieć główne idee teoretycznych i eksperymentalnych prac i publikacji w zakresie biologii syntetycznej	BIN_K2_U01, BIN_K2_U03, BIN_K2_U06	zaliczenie na ocenę
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	współpracy w ramach interdyscyplinarnych grup	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02, BIN_K2_K06	zaliczenie na ocenę
K2	prezentowania wyników swojej pracy w świetle najnowszych badań	BIN_K2_K02, BIN_K2_K03, BIN_K2_K05	zaliczenie na ocenę
K3	organizowania pracy własnej i innych osób, zmierzającej do zaplanowania badań, przeprowadzenia ich, analizy danych, wyciągnięcia wniosków i krytycznego przedstawienia całego procesu	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02, BIN_K2_K03, BIN_K2_K04, BIN_K2_K05, BIN_K2_K06	zaliczenie na ocenę

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
----------------------------------	--

ćwiczenia	18	
konwersatorium	12	
wykład	15	
programowanie	30	
przygotowanie raportu	20	
przygotowanie do ćwiczeń	10	
przygotowanie do egzaminu	15	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 120	ECTS 4.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 45	ECTS 1.7

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Wprowadzenie, sprawy organizacyjne. Historia biologii syntetycznej. Skalowanie komórki.	W1, W2, W3, U1, U2, K1
2.	Podstawy modelowania szlaków sygnalizacyjnych i sieci regulacyjnych. Autoregulacja.	W1, W3, U1, U2, K1
3.	Sprzężenia zwrotne, pętle i biologiczne bramki logiczne.	W1, W3, W5, U1, U2, U3
4.	Przełączniki genetyczne i oscylatory komórkowe. Szum molekularny.	W1, W3, W5, U1, U2, U3, K1, K2
5.	Eksperymentalne techniki biologii syntetycznej.	W1, W2, W3, U1, U2, U3, U4, K1, K2, K3
6.	Od cząsteczek do komórek. Minimalna komórka. Energetyczna cena życia i jego modyfikacji.	W1, W2, W3, W4, W5, W6, U1, U2, U3, U4, K1, K2, K3
7.	Od komórek do układów wielokomórkowych, sieci społecznych i ekosystemów. Sztuczna ewolucja.	W1, W3, W4, W5, U1, U2, U3, U4, K1, K3
8.	Xenoboty i syntetyczne życie.	W1, W2, W3, W4, W5, W6, U1, U2, U3, U4, K1, K2, K3
9.	Podsumowanie. Bioetyczne aspekty biologii syntetycznej i jej przyszłość.	W1, W2, W6, U4, K1, K2, K3

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

konsultacje, ćwiczenia przedmiotowe, rozwiązywanie zadań, analiza przypadków, dyskusja, wykład z prezentacją multimedialną, wykład konwersatoryjny, wykład konwencjonalny, burza mózgów, seminarium, analiza tekstów

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę	Obecność, rozwiązywanie bloków zadań (40 pkt) i prezentacja wybranych zagadnień (20 pkt)
konwersatorium	zaliczenie na ocenę	Obecność, wykonanie zadań między konwersatoriami (40 pkt)
wykład	zaliczenie na ocenę	Ocena z testu praktycznego (20 pkt) i teoretycznego (30 pkt)

Wymagania wstępne i dodatkowe

Zaliczenie kursów: matematyki, biofizyki i biochemii

Genomika porównawcza
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.5cac67bdceaac.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0510Nauki biologiczne i powiązane nieokreślone dalej</p>
--	--

<p>Okres Semestr 2</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 15, wykład: 15</p>	<p>Liczba punktów ECTS 2.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Wyjaśnienie dlaczego porównuje się genomy, jakich informacji takie porównania dostarczają i jakie metody wykorzystuje się do porównywania genomów
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	student zna metody uzyskiwania i porównywania sekwencji genomów	BIN_K2_W01	zaliczenie pisemne

W2	zna i rozumie mechanizmy powodujące różnicowanie i konserwację sekwencji genomów, rozumie znaczenie porównywania genomów w biologii i medycynie	BIN_K2_W01, BIN_K2_W02	zaliczenie
W3	potrafi wykorzystywać przeglądarki genomowe dla uzyskiwania informacji, akceptuje znaczenie metody porównawczej dla interpretacji sekwencji genomu człowieka	BIN_K2_W03	zaliczenie pisemne
W4	potrafi wyjaśnić niespecjalistom praktyczne znaczenie porównywania genomów	BIN_K2_W01	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	15	
wykład	15	
przygotowanie do ćwiczeń	5	
przygotowanie do egzaminu	15	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 50	ECTS 2.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	<ul style="list-style-type: none"> - Po co porównywać genomy? - Procesy ewolucyjne wpływające na genomy - Przeglądarki genomowe - Ortologia i paralogia, rodziny genów - Genom człowieka - Przeglądarki genomowe 	W1, W2, W4
2.	<ul style="list-style-type: none"> - Jak zsekwencjonować genom? - Jak złożyć genom? - Jak anotować genom? - Jak porównywać genomy? - Co wynika z porównań genomów? - Genomika porównawcza człowieka 	W1, W2, W3, W4

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład konwersatoryjny, wykład z prezentacją multimedialną, ćwiczenia laboratoryjne

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie	realizacja zadań w trakcie laboratoriów komputerowych
wykład	zaliczenie pisemne	ponad 50% punktów z testu końcowego (test wyboru)

Wymagania wstępne i dodatkowe

Ukończony kurs genetyki ogólnej



Metabolomika z elementami chemometrii
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.5cac67bdcb966.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Dyscypliny Nauki biologiczne
Forma studiów studia stacjonarne	Klasyfikacja ISCED 0512Biochemia
Profil studiów ogólnoakademicki	
Obligatoryjność obowiązkowy	

Okres Semestr 2	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 2.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć konwersatorium: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Poszerzenie wiedzy studentów o kolejną dziedzinę należącą do rodziny nauk „omicznych” w kontekście integracji ich wiedzy o złożonych układach biologicznych.
C2	Zaznajomienie z współczesnymi metodami jakościowej i ilościowej analizy metabolomu.
C3	Teoretyczne i praktyczne zapoznanie uczestników z istotnymi elementami oraz metodami analizy chemometrycznej wielowymiarowych danych metabolomicznych.

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
-----	-------------------	-------------------------------	--------------------

Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	• znaczenie badań metabolomu w kontekście integracji wiedzy o złożonych układach biologicznych	BIN_K2_W01	zaliczenie pisemne
W2	• przebieg badań w jakościowej i ilościowej analizie metabolomu, z uwzględnieniem jego znacznego zróżnicowania i zmienności, prowadzonych metodami współczesnej biochemii	BIN_K2_W02	zaliczenie pisemne
W3	• znaczenie współcześnie prowadzonych badań metabolomicznych w rozwoju nauk biomedycznych, przemysłu i ochrony środowiska	BIN_K2_W07	zaliczenie pisemne
W4	• wybrane metody chemometrycznej analizy danych metabolomicznych	BIN_K2_W03	zaliczenie pisemne
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	• opisać przykładowe zastosowania nowoczesnych metod biologii, biofizyki molekularnej oraz biochemii w zakresie jakościowej i ilościowej analizy metabolitów	BIN_K2_U01	zaliczenie pisemne
U2	• wstępnie przygotować wyniki badań metabolomicznych oraz przeprowadzić ich analizę wykorzystując metody chemometryczne lub dedykowane bazy danych	BIN_K2_U02	projekt
U3	• samodzielnie wyszukiwać potrzebne informacje oraz przygotować syntetyczną prezentację na określony temat z zakresu współcześnie prowadzonych badań metabolomicznych na podstawie anglojęzycznych danych literaturowych	BIN_K2_U03, BIN_K2_U04	prezentacja
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	• ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny metabolomiki oraz ich integracji z wiedzą naukową pochodzącą z innych nauk „omicznych”	BIN_K2_K01	prezentacja
K2	• inspirowania innych najnowszymi osiągnięciami z dziedziny metabolomiki oraz zachęcania ich do interdyscyplinarnego spojrzenia na te osiągnięcia	BIN_K2_K02	prezentacja
K3	• poszanowania pracy własnej i innych, respektowania odmienności poglądów podczas naukowej dyskusji oraz przestrzegania zapisów prawa dotyczących własności intelektualnej	BIN_K2_K03, BIN_K2_K05	prezentacja
K4	• przestrzegania zasad BHP oraz należytego wykorzystywania powierzonego sprzętu komputerowego i oprogramowania	BIN_K2_K06	projekt

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
konwersatorium	30
przygotowanie prezentacji multimedialnej	8
przygotowanie projektu	7

przygotowanie się do sprawdzianu zaliczeniowego	15	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 60	ECTS 2.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Metabolit i metabolom. Złożoność i dynamika metabolomu. Przegląd technik i metod badawczych najczęściej stosowanych w analizie związków niskocząsteczkowych. Rodzaj i jakość wyników uzyskanych w różnych strategiach badawczych stosowanych w analizie metabolomicznej: profilowaniu metabolicznym, celowanej analizie metabolitów, metabolicznym „odcisku palca”, metabolicznym „odcisku stopy”. Identyfikacja związków z wykorzystaniem standardów oraz baz danych (np. bibliotek widm masowych). Analiza przepływu metabolitów (fluksomika). Przykłady badań metabolomicznych różnorodnych próbek biologicznych. Współczesne wyzwania i ograniczenia badań metabolomu.	W1, W2, W3, U1
2.	Chemometria: znaczenie właściwego zaplanowania i przeprowadzenia badań; metody przygotowania danych do analizy chemometrycznej; metody właściwej analizy chemometrycznej: analiza zależności, analiza podobieństwa, klasyfikacja i wizualizacja danych. Praktyczne zastosowanie wybranych technik chemometrycznych dostępnych w programie Statistica w analizie danych pochodzących z rzeczywistych badań biochemicznych. Wyszukiwanie konkretnych informacji w metabolomicznych bazach danych.	W4, U2, K4
3.	Przygotowanie i przedstawienie przez każdego uczestnika prezentacji na jeden z zaproponowanych przez prowadzącego tematów z zakresu chemometrycznej analizy danych metabolomicznych.	U3, K1, K2, K3

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

konwersatorium

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
konwersatorium	zaliczenie pisemne, projekt, prezentacja	Do zaliczenia kursu wymagane jest jednoczesne spełnienie niżej wymienionych warunków: - uzyskanie pozytywnej oceny z pisemnego kolokwium zaliczeniowego, składającego się z pytań testowych i "otwartych" (otrzymanie co najmniej 50% z maksymalnej liczby punktów), - przygotowanie i przedstawienie prezentacji multimedialnej na jeden spośród zaproponowanych przez prowadzącego tematów, - wykonanie zadań z analizy chemometrycznej i metabolomicznych baz danych, - obecność na zajęciach (dopuszczalne dwie nieobecności). Ocena końcowa z kursu jest średnią ważoną oceny z pisemnego kolokwium zaliczeniowego (70%), oceny za przedstawioną prezentację multimedialną (15%) oraz oceny za wykonane zadania (15%).

Wymagania wstępne i dodatkowe

Zaliczenie kursu z biochemii. Obowiązkowa obecność na zajęciach.



UNIwersytet
JAGIELLOŃSKI
W KRAKOWIE

Metodologia pracy naukowej

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBIN00S.220.5cac67bdcd08a.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Dyscypliny Nauki biologiczne
Forma studiów studia stacjonarne	Klasyfikacja ISCED 0510Nauki biologiczne i powiązane nieokreślone dalej
Profil studiów ogólnoakademicki	
Obligatoryjność obowiązkowy	

Okres Semestr 2	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 2.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć seminarium: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zaznajomienie studentów z podstawowymi problemami związanymi z prowadzeniem pracy badawczej, planowaniem doświadczeń, analizą wyników, wyciąganiem wniosków, a także prawidłowym opisem tych działań w publikacjach.
C2	Przeanalizowanie na przykładach sposobów przedstawiania wyników w publikacjach oraz błędy, jakie przy tej okazji można popełnić.

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	sposób finansowania ze środków publicznych badań naukowych w Polsce, rozumie związek między prowadzeniem badań naukowych a przebiegiem kariery naukowej	BIN_K2_W07	zaliczenie na ocenę
W2	metodologię badań naukowych ze szczególnym uwzględnieniem metod stosowanych w bioinformatyce i naukach o życiu	BIN_K2_W01, BIN_K2_W03, BIN_K2_W04	zaliczenie na ocenę
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	krytycznie ocenić wartość naukową publikacji z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu	BIN_K2_U03, BIN_K2_U04	zaliczenie na ocenę, prezentacja
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	respektowania zasad uczciwości w prowadzeniu badań naukowych oraz upowszechnianiu ich wyników	BIN_K2_K05	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
K2	doskonalenia kompetencji zawodowych i ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny nauk biologicznych, nie tylko w danej wąskiej dyscyplinie naukowej, ale także w szerszym kontekście integracji i interpretacji wiedzy naukowej	BIN_K2_K01, BIN_K2_K03	zaliczenie na ocenę, prezentacja, zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
seminarium	30	
przygotowanie prezentacji multimedialnej	15	
przygotowanie do sprawdzianu	15	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 60	ECTS 2.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Metodologia badań naukowych, poznanie i wiedza naukowa, metoda naukowa, fakt naukowy, paradygmaty i teorie naukowe, wnioskowanie indukcyjne i dedukcyjne, rozumowania uprawdopodobniające, uzasadnianie praw empirycznych.	W1, W2, U1, K1, K2
2.	Prawda i błędy w nauce. Publikacje naukowe: rodzaje błędów logiczno-językowych, błędy znaczeniowe, błędy w argumentacji.	U1, K2

3.	Proces publikowania wyników badań w recenzowanym specjalistycznym czasopiśmie. Uczciwość i współzawodnictwo w nauce. Prezentowanie wyników badań naukowych na konferencjach. W jaki sposób odpowiadać na recenzje - praca na konkretnym przykładzie, artykuł wysłany do czasopisma - ocena tego artykułu, przygotowanie recenzji, zapoznawanie się z autentycznymi recenzjami i przygotowanie odpowiedzi na recenzje.	U1, K1, K2
4.	Ścieżki kariery naukowej oraz pozyskiwanie funduszy na badania. Współzawodnictwo w nauce i jego pozytywne i negatywne konsekwencje.	W1, K1
5.	Uczciwość w nauce (cytowanie źródeł, sposób prezentacji danych, autoplgiaty), odpowiedzialność w pracy doświadczalnej (kontrola w eksperymentach, jawność, powtarzalność), przykłady nadużycia metod eksperymentalnych.	U1, K1

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

analiza tekstów, seminarium, wykład konwersatoryjny, wykład z prezentacją multimedialną, dyskusja, analiza przypadków

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
seminarium	zaliczenie na ocenę, prezentacja, zaliczenie	Cały kurs składa się z pięciu modułów. Aktywny udział studentów w zajęciach każdego z pięciu modułów jest oceniany niezależnie, ocena końcowa z kursu jest średnią arytmetyczną z ocen uzyskanych za każdy z modułów

Pracownia specjalistyczna
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.5ca756c104716.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
--	--

<p>Okres Semestr 2</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć pracownia: 120</p>	<p>Liczba punktów ECTS 8.0</p>
-----------------------------------	--	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Szkolenie studenta w metodach i technikach z szeroko rozumianej bioinformatyki (ew. dodatkowo z technik i metod badawczych wykorzystywanych w naukach o życiu), których opanowanie będzie niezbędne przy wykonywaniu badań na potrzeby pracy magisterskiej lub które stanowią przedmiot szczególnych zainteresowań studenta.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	znaczenie kompleksowych badań proteomu, genomu i metabolomu w kontekście integracji wiedzy o złożonych układach biologicznych	BIN_K2_W01	zaliczenie
W2	przebieg badań złożonych układów biologicznych prowadzonych metodami współczesnej biologii i biofizyki molekularnej; zna teoretyczne podstawy tych metod	BIN_K2_W02	zaliczenie
W3	zakres stosowalności i przebieg zaawansowanych metod bioinformatycznej analizy różnorodnych danych biologicznych	BIN_K2_W03	zaliczenie
W4	złożone procesy biochemiczne na poziomie komórki i organizmu w sposób umożliwiający ilościowe i jakościowe charakteryzowanie zjawisk biologicznych na poziomie molekularnym	BIN_K2_W05	zaliczenie
W5	znaczenie współcześnie prowadzonych badań z różnych dyscyplin nauk o życiu	BIN_K2_W07	zaliczenie
W6	szczegółowe zagadnienia z wybranych działów informatyki	BIN_K2_W10	zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	przeprowadzić złożoną analizę danych uzyskanych w badaniach układów biologicznych wykorzystując zaawansowane metody modelowania, symulacji, analizy numerycznej i statystycznej lub techniki nauczania maszynowego	BIN_K2_U02	zaliczenie
U2	zaprojektować i zaimplementować złożony program komputerowy na potrzeby niestandardowej analizy danych	BIN_K2_U05	zaliczenie
U3	wspólnie z opiekunem pracy magisterskiej zaplanować przebieg badań naukowych, przeprowadzić takie badania, a także wyczerpująco opisać, zilustrować i przedyskutować uzyskane wyniki	BIN_K2_U06	zaliczenie
U4	w pełni wykorzystywać umiejętności językowe na poziomie B2+ w zadaniach wymagających: czytania ze zrozumieniem specjalistycznych opracowań w języku angielskim, pisemnego opracowywania wskazanych zagadnień z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu, wygłaszania krótkich prezentacji z tego zakresu oraz rozumienia wykładów specjalistów	BIN_K2_U04	zaliczenie
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	doskonalenia kompetencji zawodowych i ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny nauk biologicznych, nie tylko w danej wąskiej dyscyplinie naukowej, ale także w szerszym kontekście integracji i interpretacji wiedzy naukowej	BIN_K2_K01	zaliczenie
K2	inspirowania innych najnowszymi osiągnięciami z dziedziny nauk biologicznych, ale także skłonici ich do szerszego, interdyscyplinarnego spojrzenia na te osiągnięcia	BIN_K2_K02	zaliczenie
K3	poszanowania pracy własnej i innych oraz doceniania i respektowania odmienności poglądów	BIN_K2_K03	zaliczenie

K4	optymalnej organizacji czasu swojej pracy, a w szczególności przestrzegania ustalonych terminów wykonania określonych zadań	BIN_K2_K04	zaliczenie
K5	respektowania zasad etyki zawodowej i poszanowania prawa (w szczególności zapisów dotyczących własności intelektualnej)	BIN_K2_K05	zaliczenie
K6	przestrzegania zasad bezpieczeństwa i higieny pracy oraz wykazywania odpowiedzialności za zgodne z przeznaczeniem wykorzystanie powierzonego sprzętu	BIN_K2_K06	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
pracownia	120	
przygotowanie do zajęć	20	
przygotowanie raportu	10	
studiowanie literatury wskazanej przez prowadzącego zajęcia	30	
analiza i przygotowanie danych	30	
programowanie	30	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 240	ECTS 8.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 120	ECTS 4.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Rozwijanie kompetencji studentów w zakresie powiązania posiadanej przez nich wiedzy z umiejętnościami koniecznymi do przeprowadzenia badań w ramach realizacji pracy magisterskiej. Pogłębianie domenowej wiedzy i umiejętności z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu.	W1, W2, W3, W4, W5, W6, U1, U2, U3, U4, K1, K2, K3, K4, K5, K6

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

dyskusja, udział w badaniach, konsultacje

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
pracownia	zaliczenie	Warunkiem do zaliczenia Pracowni specjalistycznej jest pisemny raport (max. 4000 znaków) przygotowany przez studenta i pozytywnie zaopiniowany przez promotora pracy magisterskiej. Raport powinien zawierać m.in. tabelaryczne zestawienie nakładu pracy studenta (w godzinach) - wg wzoru przygotowanego przez Radę Naukową kierunku oraz opis realizacji przez studenta celów kształcenia zdefiniowanych dla Pracowni specjalistycznej.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Student najpóźniej do końca pierwszego semestru studiów wybiera promotora pracy magisterskiej, którym może być wyłącznie adiunkt lub profesor. Student ma prawo do jednej zmiany promotora, najpóźniej do końca drugiego semestru studiów. Wybór promotora należy zgłosić pisemnie koordynatorowi kierunku studiów. Sama pracownia specjalistyczna może być realizowana pod nadzorem opiekuna będącego asystentem lub doktorantem, który jest wskazywany przez promotora.

Wymagany wybór przez studenta najpóźniej do końca pierwszego semestru studiów Zakładu, w którym odbywać się będą zajęcia oraz opiekuna naukowego, który nadzorował będzie pracę studenta w laboratorium.



UNIWERSYTET
JAGIELLOŃSKI
W KRAKOWIE

Semiotyka informacji genetycznej

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.5cac67bdd1ef8.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0510Nauki biologiczne i powiązane nieokreślone dalej</p>	
<p>Okres Semestr 2</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 10, wykład: 20</p>	<p>Liczba punktów ECTS 2.0</p>

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Student będzie precyzyjnie rozróżniał pojęcia: informacja, informacja genetyczna, ilość informacji, jednostka ilości informacji, zapis/reprezentacja informacji, nośnik informacji, metainformacja, kod genetyczny, mutacja, komunikat (wiadomość)
C2	Student dostrzeże informację, jako szczególny aspekt termodynamiczny działania układu
C3	Student poprawnie zdefiniuje język naturalny w kategoriach teorii informacji i teorii kodów, i na tej podstawie dostrzeże podobieństwa ale i brak identyczności w tekstach językowych i materiale genetycznym, w kategoriach uniwersaliów językowych i funkcji języka.
C4	Student potrafi wyobrazić sobie powstanie i ewolucję informacji genetycznej oraz jej nośników
C5	Student nabędzie umiejętność rozróżnienia pomiędzy badaniem informacji genetycznej a badaniem nośników informacji genetycznej, pomiędzy mutacją a zmianą kodu genetycznego
C6	Student dostrzeże jedność nauki rozumianej jako jedność nauk ścisłych i humanistycznych
C7	Student udoskonali umiejętność systematyzacji i archiwizacji własnej wiedzy poprzez sporządzanie map myśli

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	zna różne aspekty pojęcia informacja i informacja genetyczna	BIN_K2_W01, BIN_K2_W04, BIN_K2_W06, BIN_K2_W07, BIN_K2_W08, BIN_K2_W10	analiza map myśli
W2	zna podobieństwa i różnice pomiędzy zapisem informacji genetycznej a tekstami zapisanymi w języku naturalnym	BIN_K2_W08	analiza map myśli
W3	zna główne aspekty teorii informacji i teorii języka w odniesieniu do zapisu informacji genetycznej	BIN_K2_W06, BIN_K2_W08, BIN_K2_W10	analiza map myśli
W4	zna teorię Manfreda Eigena i jej implikacje dla rozwoju ewolucjonizmu i nauk o życiu	BIN_K2_W01, BIN_K2_W02, BIN_K2_W03, BIN_K2_W04, BIN_K2_W05, BIN_K2_W06, BIN_K2_W07, BIN_K2_W08, BIN_K2_W09	analiza map myśli
W5	zna najważniejsze wnioski dotyczące współczesnych badań nad ewolucją informacji genetycznej i jej nośników – pochodzenia sekwencji kodujących i niekodujących, mechanizmu pojawienia się genomów opartych na DNA oraz roli RNA i enzymów pracujących z RNA	BIN_K2_W01, BIN_K2_W04, BIN_K2_W05, BIN_K2_W06, BIN_K2_W07, BIN_K2_W08	analiza map myśli
W6	zna ogólne podstawy genetyki populacyjnej i molekularnej; zna biochemiczne podstawy ekspresji genów	BIN_K2_W07, BIN_K2_W09	analiza map myśli

W7	rozumie mechanizmy zależności pomiędzy strukturą białek a ich funkcją, zwłaszcza w odniesieniu do białek i kwasów nukleinowych	BIN_K2_W07, BIN_K2_W08	analiza map myśli
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	potrafi opisać i podać najważniejsze cechy danego kodu lub skali	BIN_K2_U03	zaliczenie pisemne, analiza map myśli
U2	potrafi policzyć zawartość informacji, lub zaproponować sposób policzenia, w danym tekście lub fragmencie genomu, na poziomie syntaktycznym, semantycznym i pragmatycznym	BIN_K2_U01, BIN_K2_U02, BIN_K2_U03, BIN_K2_U05	zaliczenie pisemne, analiza map myśli
U3	potrafi podać założenia dla algorytmu realizowanego przez komputer DNA	BIN_K2_U01, BIN_K2_U05	analiza map myśli
U4	potrafi usystematyzować i zarchiwizować swą wiedzę poprzez narzędzie mapy myśli	BIN_K2_U03, BIN_K2_U05, BIN_K2_U06	analiza map myśli
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	rozpoznaje błędy wynikające z nadmiernych uproszczeń stosowanych w mediach i dostrzega niebezpieczeństwo, jakie niesie ze sobą nadmierne upraszczanie wiedzy w stosunku do ogólnospołecznego postrzegania nauki, zwłaszcza biotechnologii (zagadnień takich, jak GMO, czy „zmiana kodu genetycznego” - pojęcie używane powszechnie błędnie)	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02	zaliczenie pisemne, analiza map myśli
K2	rozumie potrzebę zachowania krytycyzmu wobec informacji dostępnej w środkach masowego przekazu przede wszystkim mających odniesienie do nauk przyrodniczych oraz akceptuje potrzebę popularyzowania specjalistycznej wiedzy	BIN_K2_K01, BIN_K2_K03	zaliczenie pisemne, analiza map myśli

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	10	
wykład	20	
przygotowanie do ćwiczeń	10	
przygotowanie do sprawdzianu	10	
zbieranie informacji do zadanej pracy	10	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 60	ECTS 2.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	<p>Punktem wyjścia kursu jest zagadnienie informacji jako niematerialnego aspektu komunikatu, oraz informacji genetycznej, jako jego odpowiednika reprezentowanego przez sekwencję monomerów w biopolimerze, genetycznym komunikacie. Kurs ma za zadanie zaproponowanie analizy informacji genetycznej od strony obszaru wiedzy nauk humanistycznych, ale wychodząc od próby ścisłego, termodynamicznego zdefiniowania tego pojęcia, a zatem ma założenia wybitnie interdyscyplinarne, przez co metody stosowane są również częściowo charakterystyczne dla nauk humanistycznych (lingwistyka, filologie). Dotyczy następujących zagadnień: 1. Definicja informacji i informacji genetycznej 2. Informacja a entropia 3. Ilość informacji 4. Język naturalny jako kod 5. Funkcje języka genetycznego 6. Zmiana kodu genetycznego 7. Kody informacji genetycznej – kod genetyczny, kod komplementarności i metajęzyk – kod zapisu metainformacji genetycznej 8. Teoria Eigena o pochodzeniu informacji genetycznej 9. RNA i ewolucja informacji genetycznej w „świecie RNA” 10. Geneza DNA i genów kodujących białka, czyli semiotyka DNA a semiotyka informacji genetycznej – badania informacji genetycznej rozumianej jako niematerialny aspekt komunikatu genetycznego.</p>	<p>W1, W2, W3, W4, W5, W6, W7, U1, U2, U3, U4, K1, K2</p>

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

analiza tekstów, wykład konwencjonalny, wykład z prezentacją multimedialną, rozwiązywanie zadań, metody e-learningowe, grywalizacja, ćwiczenia przedmiotowe, sporządzenie i analiza map myśli

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie pisemne	zebranie minimum 7p z zadań podawanych w trakcie ćwiczeń
wykład	zaliczenie pisemne, analiza map myśli	zebranie minimum 20p za mapy myśli i cząstkowe i końcową

Wymagania wstępne i dodatkowe

Kurs obowiązkowy. Brak wymagań wstępnych, choć wskazane zaliczenie kursów z biofizyki, genetyki molekularnej i ewolucjonizmu w stopniu



Analiza danych statystycznych w R
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.604b6d3d45647.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Dyscypliny Matematyka
Forma studiów studia stacjonarne	Klasyfikacja ISCED 0542Statystyka
Profil studiów ogólnoakademicki	
Obligatoryjność fakultatywny	

Okres Semestr 2	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 5.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, wykład: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Celem kursu jest zapoznanie studentów z zaawansowanymi metodami statystycznej analizy i wizualizacji danych biologicznych.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	Zna specyfikę programowania w języku R. Wykorzystuje go do zaawansowanych analiz statystycznych danych biologicznych.	BIN_K2_W03	zaliczenie na ocenę

W2	Zna metody wizualizacji efektów analizy z użyciem biblioteki ggplot2.	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę
W3	Zna podstawowe techniki eksperymentalne w badaniu ekspresji genów.	BIN_K2_W08	zaliczenie na ocenę
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	Potrafi przygotować przegląd literatury w języku polskim i angielskim pod kątem wybranego zagadnienia z zakresu analizy danych biologicznych, a także interesująco zreferować wybrany temat.	BIN_K2_U03	zaliczenie na ocenę
U2	Potrafi wybrać odpowiednie narzędzie bioinformatyczne przy analizie danych dotyczących aktywności genów uzyskanych technikami mikromacierzy i sekwencjonowaniem nowej generacji. (BIK_U07).	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U3	Potrafi wykorzystywać biologiczne bazy danych z użyciem bibliotek języka R.	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U4	Potrafi przeprowadzić interpretację uzyskanych wyników.	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	Potrafi pracować w grupie przy realizacji wspólnego projektu.	BIN_K2_K03	zaliczenie
K2	Ma krytyczny stosunek do uzyskanych przez siebie wyników; potrafi konstruktywnie dyskutować wyniki swoje i innych; jest otwarty na krytyczne uwagi innych; zdaje sobie sprawę z tego, że własne badania wnoszą wkład do wiedzy ogólnej.	BIN_K2_K03, BIN_K2_K04	zaliczenie na ocenę
K3	Rozumie potrzebę krytycznego analizowania danych i programów.	BIN_K2_K01, BIN_K2_K03, BIN_K2_K05	zaliczenie na ocenę

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	30	
wykład	30	
przygotowanie do zajęć	30	
Przygotowywanie projektów	20	
przygotowanie się do sprawdzianu zaliczeniowego	30	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 140	ECTS 5.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Podstawowe pojęcia rachunku prawdopodobieństwa (w tym zmienna losowa dyskretna i ciągła, rozkład zmiennej losowej, przegląd najważniejszych rozkładów, wartość oczekiwana, wariancja, macierz kowariancji, prawdopodobieństwo warunkowe, niezależność zmiennych losowych).	U1, K1, K3
2.	Wprowadzenie do środowiska R z elementami wizualizacji danych przy użyciu pakietu ggplot2.	W1, W2, U2
3.	Przygotowanie i przetwarzanie danych biologicznych przy pomocy R i SQL (w tym dane z eksperymentów mikromacierzowych i z sekwencjonowania).	W1, U2
4.	Estymacja parametrów rozkładu (generowanie liczb pseudolosowych, metoda największej wairygodności, metoda Bootstrap).	W3, U3, U4, K2, K3
5.	Prawa wielkich liczb. Centralne twierdzenie graniczne.	K3
6.	Testy statystyczne (m.in. t-test, ANOVA, Shapiro-Wilka, Kołmogorowa-Smirnova), błąd I i II rodzaju.	W1, U4, K2, K3
7.	Analiza wariancji.	W1, U4, K2, K3
8.	Regresja liniowa, współczynnik determinacji, współczynnik korelacji, przedziały ufności dla otrzymanych parametrów.	W1, U4, K3
9.	Regresja logistyczna.	W1, U4, K2, K3
10.	Uogólnione modele liniowe.	W1, U4, K2, K3
11.	Analiza przeżycia (w tym model Coxa).	W1, U4, K2
12.	Twierdzenie Bayesa, Naiwny klasyfikator Bayesowski.	W1, U4, K2, K3
13.	Sieci Bayesowskie.	W1, U4, K2, K3
14.	Modele Markowa.	W1, U4, K2, K3
15.	Metody Monte Carlo.	W1, U4, K2, K3

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

ćwiczenia przedmiotowe, rozwiązywanie zadań, analiza przypadków, wykład z prezentacją multimedialną, wykład konwersatoryjny, metoda projektów

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie	Pozytywny wynik ustnego kolokwium dopuszczającego na każdych ćwiczeniach (poprawne odpowiedzi na 1-2 pytania prowadzącego zajęcia) oraz poprawne i kompletne rozwiązania zadań na ćwiczeniach (łącznie 10 ćwiczeń, łącznie 30 pkt), pozytywna ocena raportu dokumentującego samodzielnie przeprowadzoną wieloetapową analizę danych biologicznych (maksymalnie: 10 pkt), test praktyczny zawierający zadania problemowe do samodzielnego rozwiązania (90 min, maksymalnie: 30 pkt); aby zaliczyć ćwiczenia należy uzyskać co najmniej 50% punktów możliwych do uzyskania na ćwiczeniach

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
wykład	zaliczenie na ocenę	Test wyboru zawierający pytania z jedną poprawną odpowiedzią oraz pytania otwarte (90 min, maksymalnie 30 pkt); końcowa ocena z kursu ustalana na podstawie liczby punktów zdobytych na ćwiczeniach (udział w ćwiczeniach oraz wynik testu praktycznego) oraz ww. testu wyboru; skala ocen: poniżej 50% ndst, 50-60% dst, 60-70% dst+, 70-80% db; 80-90% db+, co najmniej 90% bdb.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Umiejętność programowania w dowolnym innym języku, znajomość podstaw statystyki i rachunku prawdopodobieństwa (zaliczony kurs Rachunek prawdopodobieństwa i statystyka lub Matematyka stosowana w bioinformatyce).

Programing Python for Bioinformatics

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.1588587138.21</p> <p>Języki wykładowe Angielski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
---	--

<p>Okres Semestr 2</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, konwersatorium: 15</p>	<p>Liczba punktów ECTS 4.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie studentów z szeroko wykorzystywanym w celach naukowych językiem programowania Python 3.
C2	Zapoznanie studentów z metodami analizy danych biologicznych (sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, struktur białek, danych bibliograficznych) opartymi o istniejące narzędzia i własne skrypty tworzone w języku Python 3, szczególnie w zakresie wyszukiwania sekwencji homologicznych w zbiorach danych o zróżnicowanej wielkości.
C3	Uzyskanie przez studentów umiejętności zautomatyzowanego wykorzystania istniejących narzędzi do analizy danych biologicznych dopasowanego do specyfiki określonego problemu badawczego poprzez tworzenie własnych prostych skryptów w języku Python 3.
C4	Uzyskanie przez studentów umiejętności wykorzystania języka Python 3 do przetwarzania i wizualizacji wyników analizy danych biologicznych.

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	metody przeszukiwania baz danych biologicznych i tworzenia dopasowań wielosekwencyjnych oraz ich zastosowania	BIN_K2_W03, BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, projekt
W2	sposoby kontrolowania działania programów z serii BLAST+ w celach poszukiwania sekwencji homologicznych oraz programu Clustal Omega w celu tworzenia dopasowań wielosekwencyjnych	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, projekt
W3	podstawy języka Python 3 i jego zastosowania w prostej analizie danych biologicznych	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę
W4	metody pozyskiwania danych biologicznych z ogólnodostępnych baz i sposoby wykorzystania w tym celu narzędzi NCBI E-Utilities	BIN_K2_W03, BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, projekt
W5	sposoby wykorzystania bibliotek języka Python 3 (np. matplotlib, pandas) oraz ich zastosowanie w przetwarzaniu i wizualizacji danych tabelarycznych	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę, projekt
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	korzystać z narzędzi z serii BLAST+ w trybie tekstowym do tworzenia własnych baz danych sekwencji biologicznych i doboru właściwego narzędzia do ich przeszukiwania oraz stosować ogólnie dostępny program Clustal Omega do konstrukcji dopasowań wielosekwencyjnych	BIN_K2_U02, BIN_K2_U05	zaliczenie na ocenę, projekt
U2	wykorzystywać język Python 3 do tworzenia prostych skryptów służących pozyskiwaniu danych biologicznych z ogólnodostępnych baz danych z wykorzystaniem narzędzi NCBI E-Utilities	BIN_K2_U05	zaliczenie na ocenę, projekt
U3	wykorzystać środowisko Jupyter Notebook w pracy zespołowej w celu tworzenia prostych skryptów w języku Python 3 służących przetwarzaniu, analizie i wizualizacji danych biologicznych	BIN_K2_U02, BIN_K2_U05, BIN_K2_U06	zaliczenie na ocenę, projekt
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	pracy w grupie i jej organizowania na potrzeby realizowania prostego projektu obejmującego analizę danych biologicznych	BIN_K2_K02, BIN_K2_K03, BIN_K2_K04	zaliczenie na ocenę
K2	ciągłego poszerzania swojej wiedzy	BIN_K2_K01	zaliczenie na ocenę
K3	poszukiwania możliwości wykorzystania swojej wiedzy i umiejętności na potrzeby realizacji badań naukowych obejmujących analizę danych w biologii molekularnej	BIN_K2_K01, BIN_K2_K04, BIN_K2_K05	zaliczenie na ocenę, projekt

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
ćwiczenia	30

konwersatorium	15	
przygotowanie projektu	40	
przygotowanie do ćwiczeń	20	
przygotowanie do testu zaliczeniowego	15	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 120	ECTS 4.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 45	ECTS 1.7

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Przegląd popularnych zasobów danych biologicznych. Organizowanie i konfiguracja minimalistycznego środowiska programistycznego w systemach Linux oraz Windows. Instalacja i konfiguracja narzędzi wykorzystywanych w trakcie zajęć: pakiet Anaconda (Python 3, Jupyter Notebook), Clustal Omega, narzędzia BLAST+.	W1, W3, U3, K2
2.	Przegląd podstaw programowania w języku Python 3 oraz wybranych modułów jego biblioteki standardowej. Wykorzystanie platformy Jupyter Notebook do tworzenia dobrze udokumentowanych skryptów implementujących analizę danych biologicznych.	W3, W5, U3, K2
3.	Wykorzystanie narzędzi NCBI E-utilities z poziomu skryptu w języku Python 3. Wysyłanie zapytań do baz danych sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych celem przeszukiwania i pobierania danych.	W3, W4, U2, K1, K2
4.	Przegląd zagadnień dotyczących wykorzystania języka Python 3 do wizualizacji danych z wykorzystaniem biblioteki matplotlib oraz przetwarzania danych tekstowych, szczególnie w formie tabelarycznej, z wykorzystaniem biblioteki Pandas.	W3, W5, U3, K1, K3
5.	Obsługa w trybie tekstowym przykładowych narzędzi do analizy sekwencji biologicznych, takich jak narzędzia BLAST+ i Clustal Omega.	W2, W3, U1
6.	Uruchamianie tekstowych narzędzi zewnętrznych z poziomu skryptów w języku Python 3, przekierowywanie, przetwarzanie, wizualizacja i dokumentacja wyników ich działania.	W2, W3, W5, U1, U2, U3, K1, K2, K3

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

burza mózgów, wykład konwersatoryjny, wykład z prezentacją multimedialną, dyskusja, analiza przypadków, rozwiązywanie zadań, metody e-learningowe, ćwiczenia w pracowni komputerowej

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę	Ocena za krótkie zadania problemowe rozwiązywane w trakcie zajęć i poza nimi (40%); sprawdzian wiadomości w formie elektronicznej składający się z krótkich praktycznych zadań z zakresu wykorzystania istniejących narzędzi do analizy danych biologicznych z poziomu skryptów w języku Python 3 oraz wizualizacji wyników tego typu analiz (60%). Student musi aktywnie uczestniczyć w zajęciach oraz zdobyć co najmniej 50% możliwych do uzyskania punktów.
konwersatorium	zaliczenie na ocenę, projekt	Ocena samodzielnie zrealizowanego projektu informatycznego obejmującego: (1) implementację kilkietapowej analizy danych biologicznych przeprowadzonej z wykorzystaniem poznanych w trakcie zajęć narzędzi (NCBI e-Utils, BLAST+, Clustal Omega, Jupyter Notebook, matplotlib, pandas), (2) dokumentację zawierającą zwięzły opis zaprojektowanego algorytmu analizy danych oraz przykładowego zastosowania zaimplementowanego potoku analitycznego. Ocena projektu obejmuje: (1) innowacyjność użytych rozwiązań (max. 15 pkt), (2) kompletność potoku analitycznego (15 pkt), (3) jakość i poprawność dokumentacji projektu (30 pkt). Oceny uzyskane przez wszystkich studentów są następnie wykorzystane do stworzenia listy rankingowej projektów zaliczeniowych i wypozycjonowania oceny studenta (zgodnie z założeniami systemu ECTS) - projekty są dzielone na 3 grupy: dobre (30% wszystkich projektów, 40 pkt), przeciętne (kolejne 50% projektów, 20 pkt) i słabe (najgorzej ocenione 20% projektów, 10 pkt). Aby uzyskać zaliczenie, student musi zdobyć co najmniej 50 ze 100 możliwych do uzyskania punktów. Szczegółowe kryteria ocen zawiera strona internetowa kursu (bioinfo.mol.uj.edu.pl/courses).

Wymagania wstępne i dodatkowe

zaliczenie kursu "Programowanie w Pythonie" jest szczególnie rekomendowane jednak nie stanowi warunku koniecznego

Rejestracja, przetwarzanie i interpretacja danych we współczesnych technikach mikroskopowych

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.5cac67bddf2ed.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0511Biologia</p>
---	--

<p>Okres Semestr 2</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 15, wykład: 15</p>	<p>Liczba punktów ECTS 2.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	<p>Student poznaje podstawowe informacje dotyczące rejestracji i analizy danych uzyskanych za pomocą współczesnych metod mikroskopowych, takich jak mikroskopia konfokalna i mikroskopia szerokiego pola, oraz techniki FLIM i FCS. Student zostaje zapoznany z podstawami teoretycznymi oraz zyskuje praktyczne umiejętności potrzebne do wykorzystania mikroskopii optycznej jako wszechstronnego narzędzia badawczego.</p>
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	zna i rozumie podstawowe pojęcia dotyczące obrazu cyfrowego oraz rozumie ograniczenia jego zastosowania.	BIN_K2_W02	zaliczenie na ocenę
W2	zna i rozumie podstawowe pojęcia dotyczące zasady działania metod mikroskopii konfokalnej i mikroskopii superrozdzielczej oraz specyfikę rejestracji danych za ich pomocą.	BIN_K2_W02	zaliczenie na ocenę
W3	zna i rozumie ograniczenia i zakres stosowania metod mikroskopowych (FLIM, FCS).	BIN_K2_W02, BIN_K2_W05	zaliczenie na ocenę
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	potrafi wykorzystać na podstawowym poziomie mikroskop konfokalny i superrozdzielczy do uzyskania danych liczbowych na podstawie obrazów badanego układu wewnątrzkomórkowego, przygotować obraz mikroskopowy do prezentacji wyników unikając przekłamań i artefaktów obrazu.	BIN_K2_U01, BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U2	wykonuje rekonstrukcję 3D z zarejestrowanej serii przekrojów i potrafi wykonać podstawową analizę ruchów komórek i organelli na podstawie serii zdjęć poklatkowych.	BIN_K2_U01, BIN_K2_U02	zaliczenie
U3	potrafi zautomatyzować poznane techniki analizy obrazu w formie prostych programów.	BIN_K2_U05	zaliczenie
U4	potrafi ocenić prawidłowość wykonania pomiaru i zanalizować wynik uzyskany za pomocą techniki FCS i FLIM.	BIN_K2_U01, BIN_K2_U02	zaliczenie
U5	potrafi dobrać odpowiednią technikę mikroskopową pozwalającą na rozwiązanie postawionego problemu.	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	rozumie znaczenie prezentowania niezafałszowanych wyników.	BIN_K2_K04	zaliczenie na ocenę
K2	potrafi pracować w zespole dążąc wspólnie do wykonania zleconego zadania.	BIN_K2_K04	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	15	
wykład	15	
przygotowanie do ćwiczeń	20	
przygotowanie się do sprawdzianu zaliczeniowego	10	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 60	ECTS 2.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Metody rejestracji obrazu cyfrowego za pomocą mikroskopii szerokiego pola, mikroskopii konfokalnej oraz super-rozdzielczej. Różnice w podejściu do analizy i typie informacji zawartej w obrazie w zależności od sposobu rejestracji. Dekonwolucja i inne metody uzyskania ilościowych danych z obrazu cyfrowego oraz poprawy jego jakości. Automatyzacja procesu analizy obrazu i opracowania uzyskanych wyników. Zaawansowane wykorzystanie narzędzi analizy obrazu do uzyskania danych liczbowych z obrazów trójwymiarowych.	W1, W2, U1, U2, U3, K1, K2
2.	Podstawy rejestracji i prawidłowej analizy danych uzyskanych w mikroskopii FLIM (pomiaru czasu życia fluorescencji). Identyfikacja artefaktów i często występujących błędów.	W2, W3, U4, U5, K1, K2
3.	Podstawy rejestracji i prawidłowej analizy danych za pomocą techniki FCS (fluorescence correlation spectroscopy). Identyfikacja artefaktów i często występujących błędów.	W2, W3, U4, U5, K1, K2
4.	Najnowsze osiągnięcia i trendy w badaniach naukowych wykorzystujących zaawansowane metody mikroskopii fluorescencyjnej i konfokalnej	W2, U5

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład konwersatoryjny, wykład z prezentacją multimedialną, ćwiczenia laboratoryjne

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie	Uzyskanie zaliczenia każdego z ćwiczeń
wykład	zaliczenie na ocenę	50% punktów jest konieczne do uzyskania zaliczenia



UNIwersytet
JAGIELLOŃSKI
W KRAKOWIE

Chemia kwantowa makrocząsteczek

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.5cac67bde11aa.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak
Forma studiów studia stacjonarne	Dyscypliny Nauki chemiczne
Profil studiów ogólnoakademicki	Klasyfikacja ISCED 0531Chemia
Obligatoryjność fakultatywny	

Okres Semestr 2	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 5.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, wykład: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Metody chemii kwantowej wchodzą coraz szerzej jako nowe narzędzie badawcze stosowane w dziedzinach doświadczalnych. Oferowany kurs ma na celu: i) usystematyzowanie podstawowych wiadomości z mechaniki i chemii kwantowej oraz interpretację założeń i przybliżeń w kontekście ich znaczenia fizycznego; ii) przedstawienie metod obliczeniowych chemii kwantowej od strony zastosowań do zagadnień chemicznych, w szczególności związanych z biologią molekularną. Zajęcia pomyślane są jako wykład oraz warsztaty sprzęgające wykład z praktyką numeryczną w oparciu o pracownię komputerową. Kurs ma na celu przygotowanie studentów do nowoczesnego modelowania struktury i właściwości centrów aktywnych w biologii molekularnej. Nacisk będzie położony na zrozumienie i interpretację struktury elektronowej makrocząsteczek oraz jej wpływu na właściwości badanego układu.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	zna podstawy teoretyczne metod chemii kwantowej oraz rozumie ich założenia fizyczne	BIN_K2_W02	zaliczenie pisemne, zaliczenie ustne
W2	dysponuje wiedzą z zakresu stosowania wybranych metod obliczeniowych chemii kwantowej do modelowania właściwości, struktury i reaktywności molekuł i biomolekuł oraz interpretacji fizycznej uzyskiwanych wyników	BIN_K2_W02, BIN_K2_W07	zaliczenie pisemne, zaliczenie ustne, zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	potrafi ze zrozumieniem posługiwać się podstawowymi metodami chemii kwantowej (HF, DFT) w zastosowaniu do optymalizacji geometrii, analizy wibracyjnej oraz opisu efektów solwatacji dla molekuł i prostych modeli biomolekuł	BIN_K2_U02	zaliczenie pisemne, zaliczenie ustne, zaliczenie
U2	potrafi samodzielnie przeprowadzić proste obliczenia kwantowo-chemiczne z wykorzystaniem specjalistycznego oprogramowania oraz przedstawić i przedyskutować uzyskane wyniki w formie krótkiego raportu	BIN_K2_U02, BIN_K2_U03	zaliczenie
U3	potrafi skorzystać z literatury naukowej (w tym anglojęzycznej) i odpowiednich baz danych w celu porównania wyników własnych obliczeń z wynikami znanymi w literaturze	BIN_K2_U03, BIN_K2_U04	zaliczenie
U4	potrafi wskazać przykładowe zastosowania metod chemii kwantowej w kontekście badań nad własnościami biomolekuł	BIN_K2_U01	zaliczenie pisemne, zaliczenie ustne
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	ocenia krytycznie swój poziom wiedzy i rozumie konieczność jej ciągłego pogłębiania w zakresie metod chemii kwantowej oraz ich zastosowań do modelowania własności biomolekuł	BIN_K2_K01	zaliczenie pisemne, zaliczenie ustne, zaliczenie
K2	jest gotów do krytycznej weryfikacji i dyskusji wyników uzyskanych z obliczeń kwantowo-chemicznych przy zrozumieniu ograniczeń wynikających z dokładności stosowanych modeli i metod	BIN_K2_K01, BIN_K2_K03	zaliczenie pisemne, zaliczenie ustne, zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
ćwiczenia	30
wykład	30
przygotowanie projektu	15
przygotowanie do ćwiczeń	30

samodzielna nauka dotycząca treści poruszanych na zajęciach	32	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 137	ECTS 5.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Przypomnienie niezbędnych elementów z mechaniki kwantowej. Przybliżenie Borna-Oppenheimera. Definiowanie geometrii cząsteczek (współrzędne kartezjańskie, macierze Z). Przybliżenie jednoelektronowe i metoda Hartree-Focka (HF), orbitale molekularne, metoda pola samouzgodnionego, metoda liniowej kombinacji orbitali atomowych, bazy funkcyjne. Korelacja elektronowa oraz metody jej uwzględniania oparte na funkcji falowej oraz na teorii funkcjonału gęstości (DFT) z perspektywy zastosowań. Wybrane metody analizy struktury elektronowej (gęstość elektronowa, gęstość różnicowa, analizy populacyjne, ładunki ESP, rzędy wiązań, orbitale zlokalizowane i naturalne; interpretacja wyników obliczeń w języku struktur rezonansowych). Optymalizacja geometrii, analiza wibracyjna i elementy termodynamiki statystycznej z przykładami zastosowań. Sposoby uwzględniania solwatacji (ciągłe i dyskretne modele rozpuszczalnika) z przykładami zastosowań. Elementy teorii stanu przejściowego w zastosowaniu do modelowania reaktywności biomolekuł.	W1, W2, U1, U2, U3, U4, K1, K2

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

metoda projektów, wykład konwencjonalny, wykład z prezentacją multimedialną

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie	Zdobycie co najmniej 50% punktów ze sprawozdań z wykonanych ćwiczeń oraz zrealizowanie miniprojektu i przedstawienie jego wyników.
wykład	zaliczenie pisemne, zaliczenie ustne	Zaliczenie ćwiczeń na ocenę pozytywną oraz uzyskanie pozytywnego wyniku ze sprawdzianu pisemnego i odpowiedzi ustnej.

Molecular mechanisms of angiogenesis
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.5cac67bdee04d.21</p> <p>Języki wykładowe Angielski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0511Biologia</p>
---	---

<p>Okres Semestr 2</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, wykład: 15</p>	<p>Liczba punktów ECTS 4.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Celem kursu jest zapoznanie studentów z podstawowymi aspektami molekularnych mechanizmów angiogenezy oraz metodami i technikami laboratoryjnymi stosowanymi do oceny potencjału angiogenego komórek.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	mechanizmy regulujące proces angiogenezy, zwłaszcza • czynniki pro- i antyangiogenne • główne czynniki modulujące proces tworzenia naczyń krwionośnych • podstawowe szlaki sygnalizacji wewnątrzkomórkowej prowadzące do zwiększonej proliferacji i migracji komórek śródbłonna	BIN_K2_W05, BIN_K2_W06, BIN_K2_W07	zaliczenie na ocenę, raport, wyniki badań, zaliczenie
W2	metody badania mechanizmów angiogenezy; jej rolę w rozwoju chorób oraz najnowsze trendy w terapii pro i antyangiogennej	BIN_K2_W05, BIN_K2_W06, BIN_K2_W07	zaliczenie na ocenę, raport, wyniki badań, zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	posługiwać się poprawną terminologią naukową i techniczną w dziedzinie angiogenezy w języku angielskim	BIN_K2_U04	zaliczenie na ocenę, raport, wyniki badań, zaliczenie
U2	prowadzić dziennik laboratoryjny i przygotować raporty z badań, umie analizować wyniki własnych doświadczeń (np. test ELISA, real-time PCR) przeprowadzając ich analizę statystyczną	BIN_K2_U01, BIN_K2_U02	raport, wyniki badań, zaliczenie
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	efektywnie współdziałać i pracować w grupach podczas ćwiczeń dotyczących badania procesów angiogenezy	BIN_K2_K03, BIN_K2_K04	raport, wyniki badań, zaliczenie
K2	poszerzania wiedzy o mechanizmach odpowiedzialnych za rozwój naczyń krwionośnych i nowych terapii	BIN_K2_K01	zaliczenie na ocenę, zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	30	
wykład	15	
przygotowanie do egzaminu	20	
przygotowanie do ćwiczeń	20	
przeprowadzenie badań literaturowych	10	
przygotowanie raportu	20	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 115	ECTS 4.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 45	ECTS 1.7

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Podczas wykładów opisywane są struktura i funkcja naczyń krwionośnych i budujących je komórek; procesy tworzenia naczyń krwionośnych, prezentowane są różnice między waskulogenezą i angiogenezą. Charakteryzowane są najważniejsze czynniki wzrostu i ich receptory: czynnik wzrostu śródbłonna naczyń (VEGF), angiopoetyny, tlenek azotu. Podkreślano rolę niedotlenienia w regulacji procesu angiogenezy. Studenci poznają zarówno fizjologiczne aspekty angiogenezy jak i rolę tego procesu w rozwoju chorób, np. nowotworzenia. Ważnym aspektem jest prezentacji terapii pro- i antyangiogennych	W1, W2, U1, K2
2.	Podczas ćwiczeń studenci hodują komórki mięśni gładkich naczyń i komórki śródbłonna. W celu zbadania wpływu określonych czynników (czynniki prozapalne, niedotlenienie, związki naśladujące niedotlenienie - aktywujące czynnik HIF-1) wykonują stymulację komórek oraz zawansowane testy molekularne, w tym badanie ekspresji i produkcji czynników proangiogennych, takich jak VEGF (test real-time PCR, ELISA, testy reporterowe do pomiaru aktywacji promotora VEGF). W celu określenia roli NO w angiogenezie wykonywany jest test Griessa. Studenci wykonują funkcjonalny test angiogeny, tzw. test angiogenezy in vitro tworzenia tubul na Matrigelu.	W1, W2, U1, U2, K1, K2

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład z prezentacją multimedialną, rozwiązywanie zadań, ćwiczenia laboratoryjne

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	raport, wyniki badań, zaliczenie	Studenci muszą być przygotowani do bieżących zajęć laboratoryjnych podczas zajęć praktycznych. Wiedza jest testowana w formie krótkiego testu przed zajęciami. Wynik testu nie decyduje o udziale w zajęciach, ale ma wpływ na końcową ocenę kursu. Dodatkowo oceniane są dzienniki laboratoryjne zawierające opis doświadczeń, ich wynik i końcową konkluzję.
wykład	zaliczenie na ocenę	Test wielokrotnego wyboru i otwarte pytania oceniające wiedzę na temat angiogenezy. Aby uzyskać pozytywną ocenę, należy podać co najmniej 60% prawidłowych odpowiedzi.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Znajomość biologii, biochemii i biologii molekularnej na poziomie podstawowym

Nuclear Receptors in Gene Regulation and Diseases

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.220.5cac67bde3005.21</p> <p>Języki wykładowe Angielski</p> <p>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0512Biochemia</p>
---	--

<p>Okres Semestr 2</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć wykład: 30</p>	<p>Liczba punktów ECTS 3.0</p>
-----------------------------------	--	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Celem kursu jest zapoznanie studentów z podstawowymi cechami receptorów jądrowych i lekami, które działają poprzez receptory jądrowe. Szczególnie istotne będzie omówienie roli receptorów jądrowych w różnicowaniu komórek macierzystych i progenitorowych oraz modyfikacja aktywności receptorów jądrowych w rozwoju leków przeciwnowotworowych. Omówiona zostanie rola receptorów jądrowych w integracji odpowiedzi na sygnały środowiskowe i hormonalne oraz ich wykorzystywanie jako narzędzi w biotechnologii.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	po zakończeniu kursu student powinien znać i rozumieć: - podstawowe cechy receptorów jądrowych i ich ligandów - ewolucję receptorów jądrowych - szlaki transdukcji sygnałów regulowane przez receptory jądrowe kluczowe dla funkcjonowania organizmów wielokomórkowych oraz znaczenie sierocych receptorów jądrowych - mechanizmy działania leków wpływających na aktywność receptorów jądrowych - wykorzystywanie receptorów jądrowych w biotechnologii medycznej	BIN_K2_W06, BIN_K2_W07	zaliczenie na ocenę
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	po zakończeniu kursu student powinien potrafić: - scharakteryzować cechy receptorów które mogą posłużyć jako cele molekularne w rozwoju leków - wskazać zależności między odrębnymi szlakami molekularnymi regulowanymi przez te same ligandy receptorów jądrowych	BIN_K2_U01	zaliczenie na ocenę
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	po zakończeniu kursu student powinien być gotów do: - ciągłego aktualizowania zdobytej wiedzy - wyjaśniania i przekazywania wiedzy o kluczowym znaczeniu badań podstawowych w rozwoju leków	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02	brak zaliczenia

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
wykład	30	
samodzielna nauka dotycząca treści poruszanych na zajęciach	45	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 75	ECTS 3.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Receptory jądrowe jako czynniki transkrypcyjne aktywowane przez ligandy	W1, U1, K1
2.	Ko-aktywatory, ko-represory i białka heterodimeryzujące w regulacji aktywności receptorów jądrowych	W1, K1
3.	Regulacja aktywności receptorów jądrowych przez stres oksydacyjny i hem	W1, K1
4.	Receptory jądrowe w regulacji rytmów dobowych	W1, K1
5.	Receptory jądrowe w rozwijającym się zarodku	W1, K1
6.	Receptory jądrowe w rozwoju i adaptacjach mięśni	W1, U1, K1

7.	Receptory jądrowe w przebudowie kości	W1, U1, K1
8.	Receptory jądrowe w adipogenezie i metabolizmie lipidów	W1, U1, K1
9.	Receptory jądrowe w chorobach układu krążenia	W1, U1, K1
10.	Receptory jądrowe w nowotworach hormonozależnych	W1, U1, K1
11.	Receptory jądrowe w hematopojezie i rozwoju białaczek	W1, U1, K1
12.	Ekspresja genów na żądanie: receptory jądrowe i ich ligandy w regulacji ekspresji genów w modyfikowanych liniach komórkowych i myszach transgenicznym.	W1, K1

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład z prezentacją multimedialną, dyskusja

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
wykład	zaliczenie na ocenę, brak zaliczenia	Test pojedynczego wyboru oceniający wiedzę o receptorach jądrowych. Student może uzyskać 40 punktów. Aby zaliczyć test konieczne jest uzyskanie co najmniej 24 punktów.

Wymagania wstępne i dodatkowe

brak



UNIWERSYTET
JAGIELLOŃSKI
W KRAKOWIE

Biochemia

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBIN00S.220.5ca756968b7e0.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak
Forma studiów studia stacjonarne	Dyscypliny Nauki biologiczne
Profil studiów ogólnoakademicki	Klasyfikacja ISCED 0512Biochemia
Obligatoryjność fakultatywny	

Okres Semestr 2	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się egzamin	Liczba punktów ECTS 7.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, wykład: 60	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie studentów z podstawowymi działami biochemii: chemiczną budową i właściwościami biocząsteczek, enzymologią, metabolizmem oraz przekazywaniem informacji genetycznej
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	właściwości strukturalne i chemiczne głównych klas związków biologicznych: węglowodanów, peptydów i białek, nukleotydów i kwasów nukleinowych, lipidów	BIN_K2_W01, BIN_K2_W05	egzamin pisemny, zaliczenie na ocenę

W2	funkcjonowanie enzymów, ich podstawowe właściwości strukturalne i kinetyczne	BIN_K2_W01, BIN_K2_W05	egzamin pisemny, zaliczenie na ocenę
W3	główne procesy metaboliczne zachodzące w komórkach oraz zasady ich koordynacji na różnych poziomach funkcjonowania organizmu	BIN_K2_W05	egzamin pisemny
W4	podstawowe zagadnienia genetyki molekularnej, procesy przepływu informacji genetycznej i mechanizmy ich regulacji	BIN_K2_W05, BIN_K2_W06	egzamin pisemny
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	przeprowadzić pomiar podstawowych wielkości fizycznych analizowanych substancji	BIN_K2_U01, BIN_K2_U06	zaliczenie na ocenę
U2	zastosować podstawowe elementy statystyki i teorii błędów do analizy danych eksperymentalnych	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
U3	prawidłowo dokumentować i prezentować wyniki oznaczeń oraz przedstawiać ich interpretację	BIN_K2_U02, BIN_K2_U06	zaliczenie na ocenę
U4	precyzyjnie formułować pytania, służące pogłębieniu rozumienia problematyki biochemicznej	BIN_K2_U01	zaliczenie na ocenę
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	udziału w pracach zespołowych w realizacji zagadnień zawartych w programie	BIN_K2_K03	zaliczenie na ocenę
K2	poszanowania pracy członków zespołu oraz własnej i brania odpowiedzialności za bezpieczeństwo pracy	BIN_K2_K03	zaliczenie na ocenę

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	30	
wykład	60	
przygotowanie do ćwiczeń	10	
przygotowanie raportu	15	
przygotowanie do sprawdzianu	20	
przygotowanie do egzaminu	50	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 185	ECTS 7.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 90	ECTS 3.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Wykłady: (I) Chemiczne podstawy biochemii: termodynamika układów biologicznych; chemiczne wiązania kowalencyjne i niekowalencyjne; woda i roztwory wodne; równowagi dysocjacji kwasowo-zasadowej; izomeria optyczna związków organicznych; kinetyka chemiczna; chemia jako podstawa zjawisk biologicznych. (II) Molekularne składniki komórki: węglowodany; aminokwasy, peptydy i białka; nukleotydy i kwasy nukleinowe; lipidy i błony biologiczne. (III) Enzymologia: kinetyka enzymatyczna; mechanizmy działania enzymów; regulacja aktywności enzymów. (IV) Metabolizm i jego regulacja: glikoliza; cykl kwasów trikarboksylowych; transport elektronów i fosforylacja oksydacyjna; fotosynteza; glukoneogeneza; metabolizm glikogenu i szlak fosfopentoz; katabolizm kwasów tłuszczowych; biosynteza lipidów; pozyskiwanie azotu i metabolizm aminokwasów; synteza i degradacja nukleotydów. (V) Przenoszenie informacji genetycznej: replikacja DNA; transkrypcja i regulacja ekspresji genów; synteza białek.	W1, W2, W3, W4, U4
2.	Ćwiczenia laboratoryjne: (I) Właściwości chemiczne i analiza ilościowa głównych klas związków biologicznych: (a) aminokwasy i białka, (b) sacharydy, (c) kwasy nukleinowe, wybrane metabolity płynów ustrojowych. (II) Aktywność biologiczna białek - kataliza enzymatyczna, wiązanie innych biomolekuł: (a) wyznaczenie parametrów kinetycznych reakcji enzymatycznej; (b) proteinazy, (c) oddziaływanie białko-ligand - chemiczna identyfikacja reszt aminokwasowych istotnych dla aktywności biologicznej białka. (III) Metody izolacji i charakterystyki molekularnej wybranych związków biologicznie aktywnych: (a) oczyszczanie białek, (b) wyznaczenie masy cząsteczkowej i punktu izoelektrycznego białka, (c) chromatograficzne i elektroforetyczne metody analizy związków biologicznie aktywnych.	W1, W2, U1, U2, U3, K1, K2

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

ćwiczenia laboratoryjne, dyskusja, wykład z prezentacją multimedialną

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę	Wymagane jest uczestnictwo w minimum 90% zajęć. Do oceny z ćwiczeń wlicza się: (1) z wagą 80% - średnią z trzech kolokwii, kończących każdy z bloków ćwiczeniowych, oraz (2) z wagą 20% - średnią z ocen indywidualnych ćwiczeń, wystawionych na podstawie kolokwii cząstkowych sprawdzających przygotowanie do ćwiczeń, oceny aktywności i współpracy grupowej studentów przy realizacji ćwiczeń oraz oceny sprawozdania z ćwiczeń.
wykład	egzamin pisemny	Warunkiem dopuszczenia do egzaminu jest wcześniejsze zaliczenie ćwiczeń laboratoryjnych. Egzamin pisemny zawiera część o charakterze zamkniętego testu wyboru (30 pytań) oraz część otwartą - zestaw 10 pytań, wymagających krótkich odpowiedzi (np. wyjaśnienia podstawowego pojęcia lub przedstawienia ważnego wzoru chemicznego). Za każdą prawidłową odpowiedź student otrzymuje 1 punkt. Dla zaliczenia egzaminu student powinien uzyskać co najmniej 20 punktów.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Obecność na ćwiczeniach i wykładach obowiązkowa

Intellectual Property and Ethics in Biosciences
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBIN00S.220.604b71473e17f.21</p> <p>Języki wykładowe Angielski</p> <p>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak</p> <p>Dyscypliny Filozofia</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0223Filozofia i etyka</p>
---	--

<p>Okres Semestr 2</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć seminarium: 20, wykład: 10</p>	<p>Liczba punktów ECTS 3.0</p>
-----------------------------------	--	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Celem kursu jest wprowadzenie podstawowych pojęć, zasad i narzędzi związanych z ochroną własności intelektualnej, w szczególności wynalazków w dziedzinie biotechnologii. Kurs porusza również zagadnienia dotyczące etycznych i filozoficznych podstaw własności intelektualnej, a także znaczenia aspektów etycznych w procesie ochrony własności intelektualnej.
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	podstawowe pojęcia i zasady z zakresu ochrony własności intelektualnej	BIN_K2_W07	prezentacja
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	uczestniczyć w debacie naukowej posługując się fachową terminologią z zakresu biologii i biotechnologii oraz wykazując krytycyzm i umiejętność bronięcia swojego stanowiska	BIN_K2_U03, BIN_K2_U04	prezentacja
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	przestrzegania zasad etosu zawodowego ze świadomością znaczenia uczciwości intelektualnej w działaniach swoim i innych osób	BIN_K2_K05	prezentacja

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
seminarium	20	
wykład	10	
przygotowanie do zajęć	30	
przygotowanie prezentacji multimedialnej	15	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 75	ECTS 3.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
-----	-------------------	-----------------------------------

1.	<p>1) Wprowadzenie do własności intelektualnej</p> <ul style="list-style-type: none"> - Historia i podstawowe pojęcia własności intelektualnej - Koncepcje własności intelektualnej - Etyczne i filozoficzne podstawy własności intelektualnej - Ważne przypadki patentów (np. "pig-patent case") <p>2) Dziedziny własności intelektualnej</p> <ul style="list-style-type: none"> - Prawa autorskie - Patenty - Znaki towarowe <p>3) Przypadki własności intelektualnej</p> <ul style="list-style-type: none"> - np. Diamond vs. Chakrabarty <p>4) Wprowadzenie do zarządzania własnością intelektualną</p> <ul style="list-style-type: none"> - Ekonomiczna wycena własności intelektualnej w naukach biologicznych - Strategie własności intelektualnej w gospodarce opartej na wiedzy - Własność intelektualna w metodach biznesowych ("Bilski case") - Własność intelektualna w biotechnologii, przemyśle farmaceutycznym i chemicznym <p>5) Praktyka, przykłady i inne</p> <ul style="list-style-type: none"> - Własność intelektualna w uniwersytecie vs. Własność intelektualna w biznesie - "Open source" i "open access" - Metody poszukiwania istniejących znaków towarowych i patentów - Ochrona własności intelektualnej - Patentowanie a badania naukowe w dziedzinie biotechnologii - Włączenie aspektów etycznych w proces ochrony własności intelektualnej 	W1, U1, K1
----	--	------------

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

analiza przypadków, dyskusja, wykład z prezentacją multimedialną, seminarium, analiza tekstów

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
seminarium	prezentacja	obecność na zajęciach i przygotowanie prezentacji
wykład		obecność

Wymagania wstępne i dodatkowe

Dobra znajomość języka angielskiego

Nauczanie maszynowe

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.240.5cac67be00b25.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Informatyka</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0619Technologie teleinformacyjne gdzie indziej niesklasyfikowane</p>
--	--

<p>Okres Semestr 3</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się egzamin</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, wykład: 30</p>	<p>Liczba punktów ECTS 6.0</p>
-----------------------------------	--	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Przekazanie wiedzy z podstawowych założeń uczenia maszynowego, co jest podstawą do wszelkich przedmiotów związanych z tym tematem.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	Student zna i rozumie najważniejsze paradygmaty i metody problemu uczenia maszynowego	BIN_K2_W10	egzamin pisemny, projekt, zaliczenie

Umiejętności - Student potrafi:			
U1	Student potrafi przeprowadzić złożoną analizę danych i umiejętnie dobrać w tym celu odpowiednie algorytmy uczenia maszynowego	BIN_K2_U05	egzamin pisemny, projekt, zaliczenie
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	Student jest gotów do samodzielnego pogłębiania swojej wiedzy z zakresu technik nauczania maszynowego	BIN_K2_K01, BIN_K2_K03	egzamin pisemny, projekt, zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	30	
wykład	30	
przygotowanie do egzaminu	30	
przygotowanie do ćwiczeń	30	
rozwiązywanie zadań problemowych	30	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 150	ECTS 6.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Twierdzenie Bayesa i metody statystyczne w zastosowaniu do uczenia maszynowego	W1, U1, K1
2.	Modele dyskryminatywne i generatywne	W1, U1, K1
3.	Problem regresji a problem klasyfikacji, podejścia	W1, U1, K1
4.	Model regresji liniowej	W1, U1, K1
5.	Model regresji logistycznej dwu- i wielo-klasowej	W1, U1, K1
6.	Problem nadmiernego dopasowania, a stąd regularyzacja modeli	W1, U1, K1
7.	Modele klastrowania	W1, U1, K1
8.	Modele kernelowe w uczeniu maszynowym, podejścia	W1, U1, K1
9.	Drzewa i lasy drzew losowych	W1, U1, K1
10.	Składanie wyników wielu modeli, pokazanie skuteczności	W1, U1, K1

11.	Selekcja modelu optymalnego, sposób przeprowadzania doświadczeń, adekwatność metryk	W1, U1, K1
12.	Podstawy modeli uczenia ze wspomaganiami	W1, U1, K1
13.	Podstawowe założenia modeli sieci neuronowych	W1, U1, K1

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

wykład konwencjonalny, wykład z prezentacją multimedialną, rozwiązywanie zadań, ćwiczenia laboratoryjne, udział w badaniach, ćwiczenia przedmiotowe, konsultacje

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	projekt, zaliczenie	
wykład	egzamin pisemny	

Wymagania wstępne i dodatkowe

Podstawy analizy i rachunku prawdopodobieństwa, dobra znajomość programowania w języku Python,

Pracownia magisterska 1
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.240.5cac67be02b9b.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
--	--

<p>Okres Semestr 3</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć pracownia: 300</p>	<p>Liczba punktów ECTS 20.0</p>
-----------------------------------	--	--

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Szkolenie studenta w metodach i technikach szeroko rozumianej bioinformatyki, których opanowanie będzie niezbędne przy wykonywaniu badań na potrzeby pracy magisterskiej lub które stanowią przedmiot szczególnych zainteresowań studenta.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	znaczenie kompleksowych badań proteomu, genomu i metabolomu w kontekście integracji wiedzy o złożonych układach biologicznych	BIN_K2_W01	zaliczenie
W2	przebieg badań złożonych układów biologicznych prowadzonych metodami współczesnej biologii i biofizyki molekularnej; zna teoretyczne podstawy tych metod	BIN_K2_W02	zaliczenie
W3	zakres stosowalności i przebieg zaawansowanych metod bioinformatycznej analizy różnorodnych danych biologicznych	BIN_K2_W03	zaliczenie
W4	złożone procesy biochemiczne na poziomie komórki i organizmu w sposób umożliwiający ilościowe i jakościowe charakteryzowanie zjawisk biologicznych na poziomie molekularnym	BIN_K2_W05	zaliczenie
W5	znaczenie współcześnie prowadzonych badań z różnych dyscyplin nauk o życiu	BIN_K2_W07	zaliczenie
W6	szczegółowe zagadnienia z wybranych działów informatyki	BIN_K2_W10	zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	przeprowadzić złożoną analizę danych uzyskanych w badaniach układów biologicznych wykorzystując zaawansowane metody modelowania, symulacji, analizy numerycznej i statystycznej lub techniki nauczania maszynowego	BIN_K2_U02	zaliczenie
U2	zaprojektować i zaimplementować złożony program komputerowy na potrzeby niestandardowej analizy danych	BIN_K2_U05	zaliczenie
U3	wspólnie z opiekunem pracy magisterskiej zaplanować przebieg badań naukowych, przeprowadzić takie badania, a także wyczerpująco opisać, zilustrować i przedyskutować uzyskane wyniki	BIN_K2_U06	zaliczenie
U4	w pełni wykorzystywać umiejętności językowe na poziomie B2+ w zadaniach wymagających: czytania ze zrozumieniem specjalistycznych opracowań w języku angielskim, pisemnego opracowywania wskazanych zagadnień z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu, wygłaszania krótkich prezentacji z tego zakresu oraz rozumienia wykładów specjalistów	BIN_K2_U04	zaliczenie
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	doskonalenia kompetencji zawodowych i ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny nauk biologicznych, nie tylko w danej wąskiej dyscyplinie naukowej, ale także w szerszym kontekście integracji i interpretacji wiedzy naukowej	BIN_K2_K01	zaliczenie
K2	inspirowania innych najnowszymi osiągnięciami z dziedziny nauk biologicznych, ale także skłonici ich do szerszego, interdyscyplinarnego spojrzenia na te osiągnięcia	BIN_K2_K02	zaliczenie
K3	poszanowania pracy własnej i innych oraz doceniania i respektowania odmienności poglądów	BIN_K2_K03	zaliczenie

K4	optymalnej organizacji czasu swojej pracy, a w szczególności przestrzegania ustalonych terminów wykonania określonych zadań	BIN_K2_K04	zaliczenie
K5	respektowania zasad etyki zawodowej i poszanowania prawa (w szczególności zapisów dotyczących własności intelektualnej)	BIN_K2_K05	zaliczenie
K6	przestrzegania zasad bezpieczeństwa i higieny pracy oraz wykazywania odpowiedzialności za zgodne z przeznaczeniem wykorzystanie powierzonego sprzętu	BIN_K2_K06	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
pracownia	300	
zbieranie informacji do zadanej pracy	30	
przygotowanie raportu	10	
przeprowadzenie badań literaturowych	30	
przygotowanie do zajęć	60	
studiowanie literatury wskazanej przez prowadzącego zajęcia	30	
samodzielna nauka dotycząca treści poruszanych na zajęciach	30	
analiza i przygotowanie danych	30	
programowanie	60	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 580	ECTS 20.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 300	ECTS 12.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Rozwijanie kompetencji studentów w zakresie powiązania posiadanej przez nich wiedzy z umiejętnościami koniecznymi do przeprowadzenia badań w ramach realizacji pracy magisterskiej. Pogłębianie domenowej wiedzy i umiejętności z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu.	W1, W2, W3, W4, W5, W6, U1, U2, U3, U4, K1, K2, K3, K4, K5, K6

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

dyskusja, udział w badaniach, konsultacje

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
pracownia	zaliczenie	Wybór tematu pracy magisterskiej powinien być pisemnie zgłoszony kierownikowi kierunku studiów najpóźniej do 12 tygodni od rozpoczęcia roku akademickiego. Wniosek o zatwierdzenie tematu pracy powinien zawierać wykaz bioinformatycznych zagadnień / metod badawczych, które będą podejmowane / wykorzystywane w realizacji pracy magisterskiej oraz uzgodniony z promotorem możliwie szczegółowy opis badań planowanych do przeprowadzenia w ramach realizacji pracy magisterskiej. Możliwa jest jedna zmiana tematu w ciągu roku akademickiego - zawsze po konsultacji promotora pracy z kierownikiem studiów. Warunkiem koniecznym zaliczenia Pracowni magisterskiej 1 jest pozytywna opinia Rady Naukowej kierunku zależna od oceny trafności doboru tematu pracy magisterskiej przez studenta Bioinformatyki oraz uzasadnionego doboru bioinformatycznych technik i metod badawczych wybranych do realizacji pracy magisterskiej. Warunkiem wystarczającym do zaliczenia Pracowni magisterskiej 1 jest pisemny raport (max. 4000 znaków) przygotowany przez studenta i pozytywnie zaopiniowany przez promotora. Raport powinien zawierać m.in. tabelaryczne zestawienie nakładu pracy studenta (w godzinach) - wg wzoru przygotowanego przez Radę Naukową kierunku oraz opis zrealizowanych szczegółowych celów badawczych (w ramach pracy magisterskiej).

Wymagania wstępne i dodatkowe

Zaliczenie Pracowni specjalistycznej. Student najpóźniej do końca pierwszego semestru studiów wybiera promotora pracy magisterskiej, którym może być wyłącznie adiunkt lub profesor. Student ma prawo do jednej zmiany promotora, najpóźniej do końca drugiego semestru studiów. Wybór promotora należy zgłosić pisemnie koordynatorowi kierunku studiów. Sama pracownia może być realizowana pod nadzorem opiekuna będącego asystentem lub doktorantem, który jest wskazywany przez promotora.



Interaktomika
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.240.1585213933.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak
Forma studiów studia stacjonarne	Dyscypliny Nauki biologiczne
Profil studiów ogólnoakademicki	Klasyfikacja ISCED 0510Nauki biologiczne i powiązane nieokreślone dalej
Obligatoryjność fakultatywny	

Okres Semestr 3	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 4.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć konwersatorium: 15, wykład: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie studentów ze strategiami sygnalizacji komórkowej stanowiącej podstawę interaktomiki
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	podstawowe pojęcia z obszaru sygnalizacji komórkowej	BIN_K2_W05	zaliczenie pisemne

W2	mechanizmy przekazu sygnału, zagadnienia związane z działaniem enzymów w procesie przekazu sygnału, funkcje przekaźników II rzędu w sygnalizacji, znaczenie lokalizacji cząsteczek sygnałowych, znaczenie budowy domenowej oraz modyfikacji potranslacyjnych białek w przekazie sygnału, zagadnienia związane z przekraczaniem błon biologicznych przez sygnał i z integracją informacji w szlakach sygnałowych.	BIN_K2_W05, BIN_K2_W06	zaliczenie pisemne
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	formułować wnioski naukowe na podstawie przeczytanej literatury	BIN_K2_U01, BIN_K2_U03, BIN_K2_U04	zaliczenie pisemne, zaliczenie na ocenę
U2	podjąć naukową dyskusję i bronić swojego punktu widzenia	BIN_K2_U01, BIN_K2_U03, BIN_K2_U04	zaliczenie na ocenę
U3	prawidłowo posługiwać się terminologią dotyczącą sygnalizacji komórkowej	BIN_K2_U01	zaliczenie pisemne, zaliczenie na ocenę
U4	samodzielnie szukać odpowiedzi na postawione pytania naukowe bazując na rzetelnych źródłach wiedzy	BIN_K2_U03	zaliczenie na ocenę
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	ciągłego uzupełniania wiedzy	BIN_K2_K01	zaliczenie na ocenę
K2	współpracy w grupie	BIN_K2_K02	zaliczenie na ocenę
K3	postępowania zgodnie z zasadami uczciwości intelektualnej	BIN_K2_K03, BIN_K2_K05	zaliczenie na ocenę

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
konwersatorium	15	
wykład	30	
samodzielna nauka dotycząca treści poruszanych na zajęciach	30	
studiowanie literatury wskazanej przez prowadzącego zajęcia	20	
zbieranie informacji do zadanej pracy	5	
przygotowanie się do sprawdzianu zaliczeniowego	10	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 110	ECTS 4.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 45	ECTS 1.7

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Przekaz sygnału jako podstawa życia. Ogólne zasady rządzące przekazem sygnału.	W1
2.	Interakcje między cząsteczkami w przekazie sygnału.	W2, K1
3.	Enzymy w przekazie sygnału. Regulacja allosteryczna. Rola modyfikacji potranslacyjnych w przekazie sygnału.	W2, K1
4.	Lokalizacja wewnątrzkomórkowa cząsteczek sygnałowych i jej zmiany w przekazie sygnału.	W2, K1
5.	Niskocząsteczkowe przekaźniki II rzędu oraz lipidy w przekazie sygnału.	W2, K1
6.	Przekaz sygnału przez błony biologiczne.	W2, K1
7.	Domenowa budowa białek sygnałowych. Proteoliza w przekazie sygnału.	W2, K1
8.	Integracja różnych sygnałów.	W2, K1
9.	Przykładowe ścieżki sygnałowe: przekaz sygnału w stanie zapalnym. Cytokiny pro- i przeciwzapalne. Pyrogeny i mechanizm powstawania gorączki. Rodzina czynników interleukiny 6: trans-sygnałowanie i efekty biologiczne, w tym stymulacja syntezy białek otrej fazy. Szlak sygnałowania IL-1 i receptorów TLR.	W2, K1
10.	Konwersatoria poświęcone są rozwinięciu tematów poruszanych na wykładach, rozwiązywaniu zadań problemowych oraz obliczeniowych związanych z przekazem sygnału oraz dyskusji naukowej, prowadzonej na podstawie przeczytanej literatury na tematy dotyczące różnych aspektów przekazu sygnału.	W1, W2, U1, U2, U3, U4, K1, K2, K3

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

analiza tekstów, wykład konwencjonalny, wykład z prezentacją multimedialną, dyskusja, gra dydaktyczna, analiza przypadków, rozwiązywanie zadań

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
konwersatorium	zaliczenie na ocenę	Każdy student jest oceniany na każdym ze spotkań konwersatoryjnych i może uzyskać 6 pkt (2 z przygotowania do zajęć i 4 z udziału w konwersatorium). Zaliczenie całego konwersatorium wymaga uzyskania co najmniej 60% punktów. Dopuszczalna jedna, usprawiedliwiona nieobecność.
wykład	zaliczenie pisemne	Ocena z kursu to ocena biorąca pod uwagę wynik końcowego zaliczenia pisemnego z wagą 80% i ocenę z konwersatorium z wagą 20%. Studenci mogą przystąpić do pisemnego zaliczenia dopiero po uzyskaniu zaliczenia z konwersatorium. Uzyskanie z egzaminu mniej niż 50% punktów możliwych do uzyskania powoduje otrzymanie oceny niedostatecznej bez względu na ocenę z konwersatorium. Zaliczenie pisemne bazuje na pytaniach otwartych wymagających krótkich jednoznacznych odpowiedzi.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Znajomość podstaw biochemii i biologii komórki



Modelowanie i symulacja komputerowa
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBIN00S.200.5cac67bdb318.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Dyscypliny Informatyka
Forma studiów studia stacjonarne	Klasyfikacja ISCED 0613Tworzenie i analiza oprogramowania i aplikacji
Profil studiów ogólnoakademicki	
Obligatoryjność fakultatywny	

Okres Semestr 3	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 6.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, wykład: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Przekazanie wiedzy na temat budowy modeli i symulacji komputerowej systemów (układów) o działaniu ciągłym i dyskretnym.
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	Student posiada wiedzę na temat budowy modeli i symulacji komputerowej układów o działaniu ciągłym.	BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę

Umiejętności - Student potrafi:			
U1	budować modele układów dynamicznych za pomocą równań różniczkowych zwyczajnych, równań stanu i transmitancji (funkcji przejścia). Potrafi przeprowadzać eksperymenty symulacyjne na zbudowanych modelach matematycznych.	BIN_K2_U02	zaliczenie na ocenę
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	student gotów jest do pracy w zespole.	BIN_K2_K01	zaliczenie na ocenę

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	30	
wykład	30	
przygotowanie projektu	30	
przygotowanie do egzaminu	30	
przygotowanie do ćwiczeń	30	
uczestnictwo w egzaminie	2	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 152	ECTS 6.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Schemat organizacji badań za pomocą symulacji komputerowej, układy o działaniu ciągłym i dyskretnym.	W1, U1, K1
2.	Budowa modeli układów dynamicznych za pomocą równań różniczkowych zwyczajnych, równań stanu i transmitancji (funkcji przejścia). Budowa modeli matematycznych wybranych układów mechanicznych, elektrycznych i systemów ekonomicznych.	W1, U1, K1
3.	Przekształcenie Laplace'a. Rozwiązywanie równań różniczkowych zwyczajnych za pomocą przekształcenia Laplace'a.	W1, U1
4.	Symulacja komputerowa budowanych modeli w środowisku Matlab.	W1, U1, K1

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

ćwiczenia laboratoryjne, ćwiczenia przedmiotowe, rozwiązywanie zadań, wykład z prezentacją multimedialną

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę	Zaliczenie
wykład		Egzamin

Wymagania wstępne i dodatkowe

Nie ma.

Równania różniczkowe

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność fakultatywny</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBIN00S.240.5cac67bdc03bd.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak</p> <p>Dyscypliny Matematyka</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0541Matematyka</p>
---	---

<p>Okres Semestr 3</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć ćwiczenia: 30, wykład: 30</p>	<p>Liczba punktów ECTS 6.0</p>
-----------------------------------	---	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	zapoznanie z podstawowymi zagadnieniami z równań różniczkowych (zwyczajnych i cząstkowych), prezentacja wybranych metod przybliżonego rozwiązywania równań różniczkowych
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	posiada ugruntowaną wiedzę w zakresie typowych metod analitycznego i przybliżonego rozwiązywania zagadnień początkowych i brzegowych dla równań różniczkowych; zna podstawowe aspekty obliczeniowe (informacje o błędach metod, zbieżność, stabilność); ma wiedzę w zakresie matematyki wyższej obejmującą zagadnienia fizyki i techniki prowadzące do równań różniczkowych	BIN_K2_W07, BIN_K2_W10	zaliczenie na ocenę
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	projektuje i implementuje algorytmy numeryczne wykorzystując podstawowe techniki programistyczne i struktury danych; potrafi pozyskiwać informacje z literatury, Internetu oraz innych wiarygodnych źródeł, integrować je, dokonywać ich interpretacji i wykorzystywać w celu przygotowania swojego projektu	BIN_K2_U02, BIN_K2_U03	zaliczenie na ocenę
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	potrafi w sposób zrozumiały przedstawić ustnie i pisemnie opracowanie rozwiązania zadanego zagadnienia wraz z jego formalną analizą	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02	zaliczenie na ocenę

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
ćwiczenia	30	
wykład	30	
rozwiązywanie zadań	20	
przygotowanie projektu	20	
przygotowanie do egzaminu	20	
przygotowanie do zajęć	30	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 150	ECTS 6.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 60	ECTS 2.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
-----	-------------------	-----------------------------------

1.	1. Przykłady zagadnień fizyki i techniki opisywanych przez równania różniczkowe 2. Twierdzenia o istnieniu i jednoznaczności rozwiązań zagadnienia Cauchy'ego 3. Ciągła zależność rozwiązań od warunków początkowych i od prawych stron równań. Zadania poprawnie postawione 4. Układy równań liniowych, stabilność rozwiązań, portret fazowy 5. Metody rozwiązywania równań różniczkowych zwyczajnych (metody jednokrokowe, wielokrokowe, wstecznego różniczkowania, strzałów, predyktor – korektor) 6. Metody różnicowe rozwiązywania równań różniczkowych cząstkowych: zagadnienia modelowe 7. Schematy jawne i niejawne 8. Badanie stabilności rozwiązań, równania źle uwarunkowane 9. Porównywanie użyteczności różnych metod, oszacowania błędów aproksymacji rozwiązań równań różniczkowych 10. Zgodność, stabilność, zbieżność, twierdzenie Laxa-Filippowa o zbieżności 11. Metody wariacyjne w zagadnieniach brzegowych, metoda Galerkina	W1, U1, K1
----	--	------------

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

ćwiczenia przedmiotowe, ćwiczenia laboratoryjne, rozwiązywanie zadań, wykład konwencjonalny

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie na ocenę	na podstawie oceny zaangażowania i pracy studentów podczas zajęć, rozwiązywania zadań tablicowych, implementacji programów numerycznych oraz punktów uzyskanych na kolokwium. Warunkiem otrzymania zaliczenia ćwiczeń jest opracowanie projektu, modelującego wybrane zjawisko fizyczne.
wykład	zaliczenie na ocenę	W zakresie treści prezentowanych na wykładzie przeprowadzony zostanie egzamin. Wymagane jest zaliczenie ćwiczeń na ocenę pozytywną i zaliczenie egzaminu pisemnego na ocenę pozytywną

Wymagania wstępne i dodatkowe

Analiza Matematyczna

Filozofia przyrody i nauki
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.280.5cac67be07d67.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Filozofia</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0223Filozofia i etyka</p>
--	---

<p>Okres Semestr 4</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć seminarium: 30</p>	<p>Liczba punktów ECTS 3.0</p>
-----------------------------------	--	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zapoznanie z podstawowymi problemami z filozofii przyrody dotyczącymi złożoności organizmów żywych, cech i zjawisk emergentnych, ewolucji biologicznej i jej implikacji, (in)determinizmu, strzałki czasu, neurofizjologicznej podstawy zachowań ludzkich oraz psychiki i samo-świadomości.
C2	Zapoznanie z podstawowymi koncepcjami w filozofii nauki.
C3	Nabycie umiejętność szerszego spojrzenia na zjawiska biologiczne i znalezienia dla nich odpowiedniego kontekstu poznawczego.
C4	Przekonanie, że wąska specjalizacja w jakiejś dziedzinie wiedzy nie wyczerpuje tego, czego należałoby oczekiwać po współczesnym intelektualistcie.

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	podstawowe problemy filozofii przyrody, w szczególności w odniesieniu do złożonych układów biologicznych.	BIN_K2_W02, BIN_K2_W04, BIN_K2_W06, BIN_K2_W07	prezentacja
W2	ogólne problemy dotyczące integracji wiedzy o złożonych układach biologicznych. Konsekwencje złożoności i nieliniowości w układach biologicznych.	BIN_K2_W02, BIN_K2_W04, BIN_K2_W07	prezentacja
W3	zagadnienia związane z wyłanianiem się cech emergentnych układu na wyższym poziomie hierarchii złożoności z interakcji elementów na niższym poziomie.	BIN_K2_W02, BIN_K2_W04, BIN_K2_W07	prezentacja
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	spojrzeć w szerszym kontekście na zjawisko złożoności układów biologicznych i fenomenów emergentnych, takich jak życie i samo-świadomość.	BIN_K2_U03	prezentacja
U2	zrozumieć konieczność doskonalenia kompetencji zawodowych i ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny nauk przyrodniczych, nie tylko w danej wąskiej dziedzinie naukowej, ale także w szerszym kontekście integracji i interpretacji wiedzy naukowej.	BIN_K2_U03	prezentacja
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	zainspirowania innych najnowszymi osiągnięciami z dziedziny nauk przyrodniczych, a w szczególności z biologii i nauk pokrewnych, ale także skłonić ich do szerszego, interdyscyplinarnego spojrzenia na te osiągnięcia	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02, BIN_K2_K05	prezentacja
K2	zrozumienia możliwości i ograniczeń w praktycznym zastosowaniu poznanej wiedzy, w szczególności wiedzy w ramach wąskiej specjalizacji naukowej.	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02, BIN_K2_K03, BIN_K2_K05	prezentacja

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
seminarium	30	
przygotowanie referatu	30	
zbieranie informacji do zadanej pracy	30	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 90	ECTS 3.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
-----	-------------------	-----------------------------------

1.	<p>Tematy do wyboru w ramach seminarium „Filozofia Przyrody i Nauki”:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Fizyczny poziom rzeczywistości: najważniejsze współczesne teorie fizyczne i ich charakterystyka. 2. Szereg redukcjonistyczny. Czy „fundamentalny” poziom fizyki (cząstki elementarne, fale prawdopodobieństwa, indeterminizm kwantowy) istnieje w sposób rzeczywisty i obiektywny? Paradoks kota Schrödingera, redukcja funkcji falowej, dekoherencja. 3. Ewolucja Wszechświata – przebieg i dowody obserwacyjne. Ewolucja przestrzeni, materii oraz jej rozkładu w przestrzeni. Co było na początku? 4. Strzałka czasu: termodynamiczna, biologiczna i psychologiczna – skąd się biorą? Nieodwracalność ewolucji Wszechświata, ewolucji fizycznej (termodynamicznej), ewolucji biologicznej i ewolucji psychologicznej. 5. Determinizm i indeterminizm: kwantowy i chaotyczny. Ich związek z ewolucją biologiczną oraz funkcjonowaniem umysłu. 6. Samoistne powstanie życia – jak było możliwe i jak zachodziło? 7. Istota i podstawowe mechanizmy ewolucji biologicznej. Implikacje światopoglądowe. 8. Antropogeneza – skąd się wzięliśmy? Czy powstanie człowieka było w jakiś sposób przesądzone i konieczne? 9. Etologia – wzorce zachowań zwierząt. Odruch bezwarunkowy i warunkowy; warunkowanie klasyczne i instrumentalne. Strategia ewolucyjnie stabilna w behawiorze. Teoria gier - dylemat więźnia. Strategia współpracującego, oszukującego i inne. Implikacje dla zachowań ludzkich. 10. Socjobiologia. Biologiczno-ewolucyjne źródła ludzkiego zachowania. Czy u ludzi oś przyjemność-przykrość nadal pokrywa się z osią dostosowanie-brak dostosowania? 11. Zjawiska emergentne: życie, osobniki żywe, celowość biologiczna, cybernetyczne podstawy życia. 12. Zjawiska emergentne: termodynamiczne podstawy życia, entropia, informacja i złożoność termodynamiczna, struktury dyssypatywne. 13. Podstawowe zasady funkcjonowania neuronu i mózgu: uczenie się, pamięć, układy sensoryczno-motoryczne, funkcje poznawcze, układ popędy + system nagrody/kary. Implikacje dla ludzkiego umysłu i psychiki. 14. Zjawiska emergentne: „mind-body problem”, relacje pomiędzy funkcjonowaniem sieci neuronalnej w mózgu a umysłem, psychiką i samoświadomością. 15. Problem wolnej woli: ujęcie filozoficzne i neurofizjologiczne. 16. Relacje pomiędzy nauką a filozofią. Po co nam szersze, integracyjne spojrzenie na osiągnięcia nauki? Różnice w metodologii nauki i filozofii – co daje nam nauka, czego filozofia dać nie może? 16. Co to jest złożoność? Cechy emergentne – wyłanianie się cech układu na wyższym poziomie hierarchii złożoności z oddziaływań elementów na niższym poziomie. Złożoność układów fizycznych, biologicznych i psychicznych. 18. Inteligencja i zdolności językowe u zwierząt. Komunikacja i posługiwanie się narzędziami. Czy zwierzęta są świadome i samoświadome? 19. Hierarchia poziomów złożoności układu (poziom cząstek elementarnych, atomowy, molekularny, heteropolimerów liniowych, organelli, komórkowy, tkankowy, narządów, układów narządów, osobników, populacji, ekosystemów, biosfery; poziom psychiczny i społeczno-kulturowy). 20. Filozofia nauki: indukcjonizm, falsyfikacjonizm Poppera, paradygmaty Kuhna, programy badawcze Lakatosa. Co wyróżnia naukę ścisłą i przyrodniczą (ang. science) od nauk humanistycznych, filozofii, religii itp. 21. Co stanowi podmiot ewolucji biologicznej? Koncepcja samolubnego genu – zalety i wady. 22. Organizmy żywe jako układy przetwarzania informacji i przekazywania sygnałów. 23. Relacja pomiędzy genotypem i fenotypem. Czy istnieją „geny na jakąś cechę”? 24. Postęp w medycynie i technologii - czy ewolucja biologiczna zachodzi w rozwiniętych cywilizacjach ludzkich? 25. Biologia rozwojowa – jak powstaje w rozwoju zarodkowym i osobniczym (oraz ulega modyfikacji i wzrostowi stopnia złożoności podczas ewolucji biologicznej) struktura i funkcja złożonych organizmów żywych, w tym człowieka? 26. Różne dysfunkcje mózgu spowodowane czynnikami genetycznymi, chorobami, wylewami, uszkodzeniami mechanicznymi oraz związane z nimi upośledzenia funkcjonowania ludzkiej psychiki. <p># Inny temat zaproponowany przez studenta – dotyczący filozofii przyrody i nauki, zaakceptowany wcześniej przez prowadzącego.</p>	W1, W2, W3, U1, U2, K1, K2
----	---	----------------------------

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

seminarium, burza mózgów, dyskusja, analiza przypadków

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
seminarium	prezentacja	Obecność na zajęciach. Pozytywna ocena z prezentacji i udział w dyskusji.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Zajęcia obowiązkowe.

Pracownia magisterska 2
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.280.5cac67be09f7c.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
--	--

<p>Okres Semestr 4</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć pracownia: 300</p>	<p>Liczba punktów ECTS 20.0</p>
-----------------------------------	--	--

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Szkolenie studenta w metodach i technikach szeroko rozumianej bioinformatyki, których opanowanie będzie niezbędne przy wykonywaniu badań na potrzeby pracy magisterskiej lub które stanowią przedmiot szczególnych zainteresowań studenta.
----	--

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	znaczenie kompleksowych badań proteomu, genomu i metabolomu w kontekście integracji wiedzy o złożonych układach biologicznych	BIN_K2_W01	zaliczenie
W2	przebieg badań złożonych układów biologicznych prowadzonych metodami współczesnej biologii i biofizyki molekularnej; zna teoretyczne podstawy tych metod	BIN_K2_W02	zaliczenie
W3	zakres stosowalności i przebieg zaawansowanych metod bioinformatycznej analizy różnorodnych danych biologicznych	BIN_K2_W03	zaliczenie
W4	złożone procesy biochemiczne na poziomie komórki i organizmu w sposób umożliwiający ilościowe i jakościowe charakteryzowanie zjawisk biologicznych na poziomie molekularnym	BIN_K2_W05	zaliczenie
W5	znaczenie współcześnie prowadzonych badań z różnych dyscyplin nauk o życiu	BIN_K2_W07	zaliczenie
W6	szczegółowe zagadnienia z wybranych działów informatyki	BIN_K2_W10	zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	przeprowadzić złożoną analizę danych uzyskanych w badaniach układów biologicznych wykorzystując zaawansowane metody modelowania, symulacji, analizy numerycznej i statystycznej lub techniki nauczania maszynowego	BIN_K2_U02	zaliczenie
U2	zaprojektować i zaimplementować złożony program komputerowy na potrzeby niestandardowej analizy danych	BIN_K2_U05	zaliczenie
U3	wspólnie z opiekunem pracy magisterskiej zaplanować przebieg badań naukowych, przeprowadzić takie badania, a także wyczerpująco opisać i przedyskutować uzyskane wyniki	BIN_K2_U06	zaliczenie
U4	w pełni wykorzystywać umiejętności językowe na poziomie B2+ w zadaniach wymagających: czytania ze zrozumieniem specjalistycznych opracowań w języku angielskim, pisemnego opracowywania wskazanych zagadnień z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu, wygłaszania krótkich prezentacji z tego zakresu oraz rozumienia wykładów specjalistów	BIN_K2_U04	zaliczenie
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	doskonalenia kompetencji zawodowych i ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny nauk biologicznych, nie tylko w danej wąskiej dyscyplinie naukowej, ale także w szerszym kontekście integracji i interpretacji wiedzy naukowej	BIN_K2_K01	zaliczenie
K2	inspirowania innych najnowszymi osiągnięciami z dziedziny nauk biologicznych, ale także skłonici ich do szerszego, interdyscyplinarnego spojrzenia na te osiągnięcia	BIN_K2_K02	zaliczenie
K3	poszanowania pracy własnej i innych oraz doceniania i respektowania odmienności poglądów	BIN_K2_K03	zaliczenie

K4	optymalnej organizacji czasu swojej pracy, a w szczególności przestrzegania ustalonych terminów wykonania określonych zadań	BIN_K2_K04	zaliczenie
K5	respektowania zasad etyki zawodowej i poszanowania prawa (w szczególności zapisów dotyczących własności intelektualnej)	BIN_K2_K05	zaliczenie
K6	przestrzegania zasad bezpieczeństwa i higieny pracy oraz wykazywania odpowiedzialności za zgodne z przeznaczeniem wykorzystanie powierzonego sprzętu	BIN_K2_K06	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
pracownia	300	
zbieranie informacji do zadanej pracy	30	
przygotowanie raportu	20	
przeprowadzenie badań literaturowych	30	
przygotowanie do zajęć	60	
studiowanie literatury wskazanej przez prowadzącego zajęcia	30	
samodzielna nauka dotycząca treści poruszanych na zajęciach	30	
analiza i przygotowanie danych	60	
programowanie	30	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 590	ECTS 20.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 300	ECTS 12.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Rozwijanie kompetencji studentów w zakresie powiązania posiadanej przez nich wiedzy z umiejętnościami koniecznymi do przeprowadzenia badań w ramach realizacji pracy magisterskiej. Pogłębianie domenowej wiedzy i umiejętności z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu.	W1, W2, W3, W4, W5, W6, U1, U2, U3, U4, K1, K2, K3, K4, K5, K6

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

dyskusja, udział w badaniach, konsultacje

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
pracownia	zaliczenie	Warunkiem wystarczającym do zaliczenia Pracowni magisterskiej 2 jest pisemny raport (max. 4000 znaków) przygotowany przez studenta i pozytywnie oceniony przez promotora. Raport powinien zawierać m.in. tabelaryczne zestawienie nakładu pracy studenta (w godzinach) - wg wzoru przygotowanego przez Radę Naukową kierunku oraz opis zrealizowanych szczegółowych celów badawczych (w ramach pracy magisterskiej).

Wymagania wstępne i dodatkowe

Zaliczenie Pracowni magisterskiej 1. Pracownia może być realizowana pod nadzorem opiekuna będącego asystentem lub doktorantem, który jest wskazywany przez promotora.



UNIwersytet
JAGIELLOŃSKI
W KRAKOWIE

Praktikum pisania pracy magisterskiej
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2021/22
Ścieżka -	Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.280.5cac67be0c00e.21
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii	Języki wykładowe Polski
Poziom kształcenia drugiego stopnia	Dyscypliny Nauki biologiczne
Forma studiów studia stacjonarne	Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę
Profil studiów ogólnoakademicki	
Obligatoryjność obowiązkowy	

Okres Semestr 4	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie	Liczba punktów ECTS 5.0
	Sposób realizacji i godziny zajęć konsultacje z promotorem: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Przygotowanie pracy magisterskiej w formie raportu z badań, przeprowadzonych w ramach Pracowni magisterskiej 1 i 2, zgodnego z zasadami redakcji oryginalnych prac naukowych z zakresu bioinformatyki, w połączeniu z kwerendą bibliograficzną oraz iteracyjnym dopracowywaniem tekstu i materiału ilustracyjnego pracy w oparciu o konsultacje z opiekunem naukowym.
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			

W1	przebieg badań złożonych układów biologicznych prowadzonych metodami współczesnej biologii i biofizyki molekularnej; zna teoretyczne podstawy tych metod	BIN_K2_W02	zaliczenie
W2	zakres stosowalności i przebieg zaawansowanych metod bioinformatycznej analizy różnorodnych danych biologicznych	BIN_K2_W03	zaliczenie
W3	złożone procesy biochemiczne na poziomie komórki i organizmu w sposób umożliwiający ilościowe i jakościowe charakteryzowanie zjawisk biologicznych na poziomie molekularnym	BIN_K2_W05	zaliczenie
W4	znaczenie współcześnie prowadzonych badań z różnych dyscyplin nauk o życiu	BIN_K2_W07	zaliczenie
W5	szczegółowe zagadnienia z wybranych działów informatyki	BIN_K2_W10	zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	opisać przykładowe zastosowania nowoczesnych metod biologii i biofizyki molekularnej oraz biochemii w badaniu materiału biologicznego	BIN_K2_U01	zaliczenie
U2	przeprowadzić złożoną analizę danych uzyskanych w badaniach układów biologicznych wykorzystując zaawansowane metody modelowania, symulacji, analizy numerycznej i statystycznej lub techniki nauczania maszynowego	BIN_K2_U02	zaliczenie
U3	w pełni wykorzystywać umiejętności językowe na poziomie B2+ w zadaniach wymagających: czytania ze zrozumieniem specjalistycznych opracowań w języku angielskim, pisemnego opracowywania wskazanych zagadnień z zakresu bioinformatyki i nauk o życiu, wygłaszania krótkich prezentacji z tego zakresu oraz rozumienia wykładów specjalistów	BIN_K2_U04	zaliczenie
U4	zaprojektować i zaimplementować złożony program komputerowy na potrzeby niestandardowej analizy danych	BIN_K2_U05	zaliczenie
U5	wspólnie z opiekunem pracy magisterskiej zaplanować przebieg badań naukowych, przeprowadzić takie badania, a także wyczerpująco opisać, zilustrować i przedyskutować uzyskane wyniki	BIN_K2_U06	zaliczenie
Kompetencje społecznych - Student jest gotów do:			
K1	absolwent jest gotów do inspirowania innych najnowszymi osiągnięciami z dziedziny nauk biologicznych, ale także skłonić ich do szerszego, interdyscyplinarnego spojrzenia na te osiągnięcia	BIN_K2_K02	zaliczenie
K2	poszanowania pracy własnej i innych oraz doceniania i respektowania odmienności poglądów	BIN_K2_K03	zaliczenie
K3	optymalnej organizacji czasu swojej pracy, a w szczególności przestrzegania ustalonych terminów wykonania określonych zadań	BIN_K2_K04	zaliczenie
K4	respektowania zasad etyki zawodowej i poszanowania prawa (w szczególności zapisów dotyczących własności intelektualnej)	BIN_K2_K05	zaliczenie

K5	doskonalenia kompetencji zawodowych i ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny nauk biologicznych, nie tylko w danej wąskiej dyscyplinie naukowej, ale także w szerszym kontekście integracji i interpretacji wiedzy naukowej	BIN_K2_K01	zaliczenie
----	---	------------	------------

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
zbieranie informacji do zadanej pracy	30	
przygotowanie pracy dyplomowej	90	
konsultacje z promotorem	30	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 150	ECTS 5.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Omówienie reguł pisania poszczególnych części pracy dyplomowej z naciskiem na specyfikę konkretnej pracy magisterskiej: (1) omówienie zasad przedstawiania wyników pracy naukowej w zakresie bioinformatyki, (2) omówienie reguł edycji pracy naukowej, (3) rozpatrywanie typowych niedociągnięć i błędów merytorycznych, stylistycznych i edytorskich popełnianych podczas przygotowywania pracy magisterskiej.	W1, W2, W3, W4, W5, U1, U2, U3, U4, U5, K1, K2, K3, K4, K5
2.	Analiza i opracowanie graficzne wyników badań eksperymentalnych przeprowadzonych przez studenta w ramach Pracowni magisterskiej 1 i 2.	W1, W2, W3, W4, W5, U1, U2, U3, U4, U5, K1, K2, K3, K4, K5
3.	Samodzielna redakcja pracy magisterskiej przez studenta w połączeniu z kwerendą bibliograficzną.	W1, W2, W3, W4, W5, U1, U2, U3, U4, U5, K1, K2, K3, K4, K5
4.	Dopracowywanie pracy dyplomowej w połączeniu z konsultacjami z promotorem do momentu przedstawienia ostatecznej wersji, pozytywnie zweryfikowanej przez program antyplagiatowy i przygotowanej do oceny przez promotora i recenzenta.	W1, W2, W3, W4, W5, U1, U2, U3, U4, U5, K1, K2, K3, K4, K5

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

analiza tekstów, dyskusja, udział w badaniach, konsultacje

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
konsultacje z promotorem	zaliczenie	Zaliczenie uzyskuje student, który uczestniczył w konsultacjach z promotorem i przygotował gotową do oceny wersję pracy magisterskiej, w której system antyplagiatowy nie znalazł elementów dyskwalifikujących. Sama praca magisterska podlega odrębnej ocenie, która odbywa się poprzez uniwersytecką platformę informatyczną - Archiwum Prac Dyplomowych. Poszczególne elementy pracy magisterskiej są oceniane punktowo w odpowiedniej skali zarówno przez promotora jak i recenzenta. Promotor dodatkowo ocenia w skali punktowej pracę studenta w laboratorium oraz jego pracę nad rozprawą. Formularze oceny pracy dyplomowej przez promotora oraz przez recenzenta są dostępne na stronie internetowej Wydziału. W formularzu oceny promotor stwierdza, czy student osiągnął wymagane kierunkowe efekty uczenia się a recenzent potwierdza osiągnięcie tych efektów uczenia się, o których można wnioskować na podstawie pracy magisterskiej.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Zapoznanie się z zaleconą przez opiekuna naukowego literaturą dotyczącą podstaw i zakresu realizowanego zadania badawczego. Spełnienie warunków wymaganych dla zaliczenia równolegle odbywanej Pracowni magisterskiej 2.

Seminarium magisterskie
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów bioinformatyka</p> <p>Ścieżka -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii</p> <p>Poziom kształcenia drugiego stopnia</p> <p>Forma studiów studia stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p> <p>Obligatoryjność obowiązkowy</p>	<p>Cykl kształcenia 2021/22</p> <p>Kod przedmiotu UJ.WBtBINS.280.5ca756a7bc568.21</p> <p>Języki wykładowe Polski</p> <p>Dyscypliny Nauki biologiczne</p> <p>Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę</p>
--	--

<p>Okres Semestr 4</p>	<p>Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie</p> <p>Sposób realizacji i godziny zajęć seminarium: 30</p>	<p>Liczba punktów ECTS 2.0</p>
-----------------------------------	--	---

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Seminarium ma na celu praktyczne i teoretyczne przygotowanie studentów do opracowania prac dyplomowych (magisterskich).
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	znaczenie współcześnie prowadzonych badań z różnych dyscyplin nauk o życiu	BIN_K2_W07	prezentacja, zaliczenie

W2	zakres stosowalności i przebieg zaawansowanych metod bioinformatycznej analizy różnorodnych danych biologicznych	BIN_K2_W03	prezentacja, zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	przeprowadzić złożoną analizę danych uzyskanych w badaniach układów biologicznych wykorzystując zaawansowane metody modelowania, symulacji, analizy numerycznej i statystycznej lub techniki nauczania maszynowego	BIN_K2_U02	prezentacja, zaliczenie
U2	samodzielnie wyszukiwać potrzebne informacje oraz przygotować syntetyczną prezentację na podstawie wyników własnych eksperymentów oraz zebranych danych literaturowych	BIN_K2_U03	prezentacja, zaliczenie
U3	wspólnie z opiekunem pracy magisterskiej zaplanować przebieg badań naukowych, przeprowadzić takie badania, a także wyczerpująco opisać, zilustrować i przedyskutować uzyskane wyniki	BIN_K2_U06	prezentacja, zaliczenie
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	doskonalenia kompetencji zawodowych i ciągłego zapoznawania się z postępem wiedzy i odkryciami naukowymi z dziedziny nauk biologicznych, nie tylko w danej wąskiej dyscyplinie naukowej, ale także w szerszym kontekście integracji i interpretacji wiedzy naukowej	BIN_K2_K01	zaliczenie
K2	inspirowania innych najnowszymi osiągnięciami z dziedziny nauk biologicznych, ale także skłonić ich do szerszego, interdyscyplinarnego spojrzenia na te osiągnięcia	BIN_K2_K02	prezentacja, zaliczenie
K3	poszanowania pracy własnej i innych oraz doceniania i respektowania odmienności poglądów	BIN_K2_K03	prezentacja, zaliczenie
K4	optymalnej organizacji czasu swojej pracy, a w szczególności przestrzegania ustalonych terminów wykonania określonych zadań	BIN_K2_K04	prezentacja, zaliczenie
K5	respektowania zasad etyki zawodowej i poszanowania prawa (w szczególności zapisów dotyczących własności intelektualnej)	BIN_K2_K05	prezentacja, zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć	
seminarium	30	
przygotowanie prezentacji multimedialnej	30	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 60	ECTS 2.0
Liczba godzin kontaktowych	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Zaznajomienie studentów z metodyką pisania i konstrukcją prac dyplomowych, oprogramowaniem do zarządzania bibliografią, zasadami oceny prac dyplomowych, funkcjonowaniem systemu anti-plagiatowego oraz przebiegiem procedury składania i obrony pracy dyplomowej.	W1, U3, K4, K5
2.	Prezentowanie postępów w realizacji badań stanowiących przedmiot pracy magisterskiej.	W1, W2, U1, U2, U3, K1, K4, K5
3.	Dyskusowanie bieżących zagadnień dotyczących metodyki prowadzonych przez studentów badań naukowych oraz interpretacji uzyskiwanych przez nich wyników	W1, W2, K2, K3, K5

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

seminarium, wykład z prezentacją multimedialną, dyskusja, udział w badaniach, konsultacje

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
seminarium	prezentacja, zaliczenie	aktywna (udział w dyskusji) obecność na zajęciach (dopuszczalne co najwyżej dwie usprawiedliwione nieobecności), wygłoszenie dwóch prezentacji seminaryjnych dokumentujących przebieg badań stanowiących przedmiot pracy dyplomowej