

**Załącznik do Uchwały nr 59/2020-2021  
Senatu UP w Lublinie z dnia 25 czerwca 2021 r.**

**Karta opisu zajęć (syllabus)**

Nazwa kierunku studiów	Biologia
Nazwa modułu, także nazwa w języku angielskim	Biostatystyka i bioinformatyka Biostatistics and Bioinformatics
Język wykładowy	polski
Rodzaj modułu	Obowiązkowy
Poziom studiów	drugiego stopnia
Forma studiów	stacjonarne
Rok studiów dla kierunku	II
Semestr dla kierunku	3
Liczba punktów ECTS z podziałem na kontaktowe/niekontaktowe	8 (4,04/3,96)
Tytuł naukowy/stopień naukowy, imię i nazwisko osoby odpowiedzialnej za moduł	dr hab. Andrzej Jakubczak profesor uczelni ( <i>prof. dr hab. Grzegorz Zięba współprowadzący</i> )
Jednostka oferująca moduł	Instytut Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej
Cel modułu	<p>Celem modułu jest także zapoznanie studentów z zagadnieniami z zakresu bioinformatyki i filogenetyki oraz zapoznanie się z najnowszymi danymi dotyczącymi związków między danymi biologicznymi a informacjami zawartymi w biologicznych bazach danych. Znalezienie relacji pomiędzy makromolekułami a ich funkcja biologiczną.</p> <p>Nabycie praktycznych umiejętności przygotowania i przeprowadzenia podstawowych analiz danych; dobór odpowiedniej metody analizy do danych; weryfikacja hipotez; umiejętność odczytu, opisu, prezentacji i interpretacji uzyskanych wyników.</p>
Efekty uczenia się dla modułu to opis zasobu wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych, które student osiągnie po zrealizowaniu zajęć.	<p>Wiedza:</p> <p>W1. Absolwent zna i rozumie nowoczesne metody analityczne, molekularne i pomiarowe w badaniach biologicznych</p> <p>W2. Zna i rozumie zjawiska przyrodnicze stosując metody statystyczne i wybrane specjalistyczne narzędzia informatyczne</p> <p>Umiejętności:</p> <p>U1. Potrafi stosować metody statystyczne i narzędzia informatyczne do opisu obserwacji biologicznych i interpretowania danych doświadczalnych</p> <p>U2. Potrafi pozyskiwać, oceniać i kompilować informacje własne oraz pochodzące z piśmiennictwa i elektronicznych baz danych podczas realizacji zadań badawczych</p> <p>Kompetencje społeczne:</p> <p>K1. Gotów jest do poszukiwania nowych zastosowań</p>

	znanych narzędzi w rozwiązaniu problemów naukowych
Wymagania wstępne i dodatkowe	Zaliczony moduł Genetyka, Biologia komórki, Biologia molekularna i podstawy biotechnologii
Treści programowe modułu	<p>Wykorzystanie biostatystyki do opisu zjawisk biologicznych. Nauka praktycznego zastosowania technik statystycznych do oceny stanu badanych parametrów i prognozowania zjawisk, z wykorzystaniem przykładów danych biologicznych. Aktywizacja studentów poprzez przykładowe analizy. Ilustracje praktycznych zastosowań przedstawianych metod. Metody analizy i zastosowanie ich w praktyce. Wybór odpowiedniej metody i oprogramowania; ocena i interpretacja uzyskanych rezultatów</p> <p>Bioinformatyczne serwisy i bazy danych - cechy, struktura rekordów, zasady funkcjonowania. Biologiczne bazy danych, przeszukiwanie baz danych. Poszukiwania homologii pomiędzy sekwencjami: BLAST. Analiza sekwencji DNA: skład zasad, używanie kodonów, wyspy CPG, wyszukiwanie ORF, wyszukiwanie i projektowanie starterów, wyszukiwanie genów, motywów, powtórzeń oraz miejsc restrykcji i enzymów restrykcyjnych, dobór enzymów do PCR-RFLP. Metody konstruowania drzew filogenetycznych. Zastosowanie oprogramowania filogenetycznego w badaniach biologicznych. Kryteria oceny drzew (kryterium największej wiarygodności i kryterium parsymoni). Przegląd baz danych sekwencji i struktur białkowych. Przewidywanie funkcji białek - na podstawie programów dostępnych on-line Wizualizacja struktur białkowych. Analiza zmienności genetycznej na podstawie markerów molekularnych.</p>
Wykaz literatury podstawowej i uzupełniającej	<p>Literatura podstawowa:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Baxevanis A.D. i Ouellette B.F.F., 2004, Bioinformatyka, PWN.</li> <li>2. Bioinformatyka 2015. Wydawnictwo Nasza Wiedza</li> <li>3. Dobek A., Szwaczkowski T. Statystyka matematyczna dla biologów. Wydawnictwo UP w Poznaniu. 2007.</li> <li>4. Hall B.G., Łatwe drzewa filogenetyczne, WUW, 2008.</li> <li>5. Higgs P.G., Attword T. 2015 Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN Warszawa</li> <li>6. Łomnicki A., Wprowadzenie do statystyki dla przyrodników. PWN, Warszawa 2010.</li> </ol> <p>Literatura uzupełniająca:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. <a href="https://documentation.sas.com">https://documentation.sas.com</a></li> <li>2. Lesk A. 2019 Wprowadzenie do bioinformatyki. PWN Warszawa</li> <li>3. Zalewska M.J, Niemirow W. 2022 Biostatystyka. Od podstaw do zaawansowanych metod. PZWL Wydawnictwo Lekarskie</li> </ol>
Planowane formy/działania/metody dydaktyczne	<p>Metody dydaktyczne:</p> <p>Ćwiczenia audytoryjne:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>· realizacja przykładowych problemów (krok po kroku)</li> <li>· analiza przykładowych eksperymentów</li> <li>· dyskusje na temat wykonanych opracowań</li> </ul> <p>Ćwiczenia laboratoryjne:</p>

	<ul style="list-style-type: none"> <li>· rozwiązywanie zadań z użyciem komputera z dostępem do internetu oraz dostarczonego oprogramowania</li> <li>· wykonanie projektu i jego analiza. Ćwiczenia prowadzone w laboratorium komputerowym z wykorzystaniem programu SAS OnDemand for Academics</li> </ul>
Sposoby weryfikacji oraz formy dokumentowania osiągniętych efektów uczenia się	<p><u>Sposoby weryfikacji osiągniętych efektów uczenia się:</u>  W1, W2 – ocena dwóch sprawdzianów praktycznych w formie zadań elektronicznych z biostatystyki oraz testów pos odbytych ćwiczeniach labolatoryjnych test jednokrotnego wyboru z bioinformatyki.  U1, U2 – zaliczenie ćwiczeń laboratoryjnych  K1 – ocena udziału w dyskusjach, wspólnego rozwiązania przykładowych problemów.  Uzyskanie odpowiedniego procentu sumy punktów oceniających stopień wymaganej wiedzy/umiejętności:  2,0 &lt; 51%  3,0 – 51-60%  3,5 – 61-70%  4,0 – 71-80%  4,5 – 81-90%  5,0 &gt; 91-100%</p> <p><u>Formy dokumentowania osiągniętych efektów uczenia się:</u> zaliczenia cząstkowe z biostatystyki archiwizowanie w formie cyfrowej.  archiwizacja testów z bioinformatyki w formie elektronicznej na platformie EDUPORTAL, dziennik obecności w formie elektronicznej, na platformie EDUPORTAL.</p>
Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową	<p>Ocena końcowa = średnia arytmetyczna bloków programowych biostatystyka [średnia ważona sprawdzianów (1 × 30%, 1 × 60%), aktywność na ćwiczeniach 10%] i bioinformatyka [średnia ocena z zaliczeń cząstkowych w formie testu jednokrotnego wyboru (100%) ze wszystkich ćwiczeń]  Warunki te są przedstawiane studentom i konsultowane z nimi na pierwszym wykładzie.</p>
Bilans punktów ECTS	<p><u>Kontaktowe:</u>  wykłady 0 godz. – 0,00 ECTS  ćwiczenia laboratoryjne 40 godz. – 1,60 ECTS  ćwiczenia audytoryjne 20 godz. – 0,80 ECTS  konsultacje 3 godz. – 0,12 ECTS  programowanie w środowisku PYTHON 20 godz. – 0,80 ECTS  programowanie w środowisku SAS 18 godz. – 0,72 ECTS</p> <p><u>Razem godz. kontaktowe 101 godz. – 4,04 ECTS</u></p> <p><u>Niekontaktowe:</u>  przygotowanie do ćwiczeń 30 godz. – 1,20 ECTS  studiowanie literatury 19 godz. – 0,76 ECTS  przygotowanie projektu (50 godz. – 2,00 ECTS),  <u>Razem godz. niekontaktowe 99 – 3,96 ECTS</u></p>
Nakład pracy związany z zajęciami wymagającymi bezpośredniego udziału nauczyciela akademickiego	<p><u>Nakład pracy związany z zajęciami wymagającymi bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich:</u>  wykłady 0 godz. – 0,00 ECTS  ćwiczenia laboratoryjne 40 godz. – 1,60 ECTS</p>

	<p>ćwiczenia audytoryjne 20 godz. – 0,80 ECTS  konsultacje 3 godz. – 0,12 ECTS  programowanie w środowisku PYTHON 20 godz. – 0,80 ECTS  programowanie w środowisku SAS 18 godz. – 0,72 ECTS</p> <p><u>Razem 63 godz – 2,52 ECTS</u></p>
<p>Odniesienie modułowych efektów uczenia się do kierunkowych efektów uczenia się</p>	<p>W1 – BI1_W04  W2 – BI1_W07  U1 – BI1_U09  U2 – BI1_U10  K1 – BI1_K06</p>