

## EFEKTY UCZENIA SIĘ I TREŚCI PROGRAMOWE DLA ZAJĘĆ

Kierunek: **Bioinformatyka**

Poziom studiów: **Studia pierwszego stopnia**

Nazwa zajęć: **Język angielski B21**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie umiejętności:**

1. potrafi czytać ze zrozumieniem teksty w języku angielskim o charakterze ogólnym jak i akademickim, związanym z kierunkiem studiów, oraz analizować ich treść i wybierać niezbędne informacje
2. potrafi zrozumieć oryginalny materiał audio lub wideo na większość tematów dotyczących życia codziennego, kulturalnego i społecznego, na poziomie ogólnym jak i wychytując niezbędne szczegóły.
3. potrafi przygotować i wygłosić prezentacje na wybrany temat.
4. potrafi opracować teksty oraz wypowiedzi dotyczące życia społecznego, uniwersyteckiego i zawodowego.
5. potrafi redagować wybrane teksty w stylu formalnym.
6. potrafi uzupełniać i doskonalić nabytą wiedzę i umiejętności.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do współpracy z innymi uczestnikami rozmowy lub dyskusji i do komunikowania się w grupie w języku angielskim w zakresie tematyki ogólnej jak i tej związanej z przedmiotem studiów.
2. jest gotów/owa do uzupełniania i doskonalenia posiadanej wiedzy i umiejętności oraz wykazuje się samodzielnością.

**Treści programowe dla zajęć:**

Swobodne posługiwanie się czasami gramatycznymi w języku angielskim.

Słownictwo dotyczące problematyki współczesnego świata w zakresie następujących tematów: ekstremalne sytuacje, refleksja na temat planów życiowych, terapeutyczna funkcja muzyki, higiena snu, komunikacja niewerbalna oraz wybrane słownictwo akademickie i specjalistyczne związane z kierunkiem studiów.

Strategie efektywnego czytania w celu zrozumienia ogólnego sensu wypowiedzi w tekstach popularno-naukowych oraz specjalistycznych, domyślanie się znaczenia nieznanych słów w zakresie bloków tematycznych określonych w treści 2.

Strategie efektywnego słuchania w celu zrozumienia ogólnego sensu wypowiedzi; domyślanie się znaczenia nieznanych słów w zakresie bloków tematycznych określonych w treści 2.

Udzielanie odpowiedzi, udział w dyskusji oraz wyrażanie różnorodnych funkcji językowych w zakresie tematyki określonej w treści 2.

Nazwa zajęć: **Statystyka z elementami rachunku prawdopodobieństwa**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna podstawowe pojęcia rachunku prawdopodobieństwa.
2. zna podstawowe pojęcia statystyki.
3. zna podstawy języka programowania R w zakresie wykonywania podstawowych obliczeń statystycznych.

**w zakresie umiejętności:**

1. stosując odpowiedni model probabilistyczny potrafi oszacować prawdopodobieństwa różnych zdarzeń.
2. umie opisać rozkład empiryczny badanej cechy za pomocą odpowiednich tabel, wykresów oraz statystyk opisowych.
3. potrafi dobrać do danego zagadnienia odpowiedni test statystyczny, estymować nieznanne parametry, wykorzystać program R do wykonania obliczeń i testowania, wyciągnąć wnioski z weryfikacji hipotez.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. potrafi ocenić stan swojej wiedzy i dostrzec potrzebę jej poszerzenia.

**Treści programowe dla zajęć:**

Przestrzeń zdarzeń elementarnych, zdarzenie losowe, algebra zdarzeń, przestrzeń probabilistyczna, własności prawdopodobieństwa. Określanie prawdopodobieństwa, prawdopodobieństwo geometryczne, prawdopodobieństwo warunkowe. Wzór Bayesa.

Niezależność zdarzeń. Schematy przeprowadzania doświadczeń: Bernoulliego, Pascala, Polya. Zależność zdarzeń. Łańcuchy Markowa.

Zmienna losowa, dystrybucja, rozkład prawdopodobieństwa, gęstość. Wektor losowy, momenty zmiennych losowych, kowariancja, korelacja. Prawo wielkich liczb, centralne twierdzenie graniczne Lindeberga-Levy'ego.

Rodzaje danych statystycznych. Opis rozkładu empirycznego badanej cechy za pomocą tabel, wykresów statystycznych i statystyk opisowych. Użycie programu R do sporządzania wykresów w wykonywaniu prostych obliczeń.

Dobór modelu statystycznego do danych (model normalny, jednostajny, wykładniczy, dwumianowy, Poissona). Estymacja punktowa i przedziałowa. Użycie programu R do obliczeń statystycznych.

Podstawy statystycznej teorii weryfikacji hipotez (hipotezy statystyczne, błędy I i II rodzaju, obszar krytyczny testu, p-wartość testu, decyzja).

Wybrane testy statystyczne: Shapiro-Wilka, t-Studenta dla prób niezależnych oraz dla prób zależnych, F-Snedecora, Welch, Kolmogorowa-Smirnowa dla jednej i dla dwóch prób, testy dla proporcji (dla jednej próby, dla dwóch prób niezależnych oraz zależnych), test niezależności chi-kwadrat. Użycie programu R do weryfikacji hipotez statystycznych.

Regresja liniowa, prognozowanie, testy istotności współczynników, miara dopasowania modelu do danych. Regresja wielokrotna, nieliniowa, logistyczna. Analiza regresji z programem R.

### Nazwa zajęć: **Zastosowanie grafów w bioinformatyce**

#### **Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

##### **w zakresie wiedzy:**

1. zna własności i klasy grafów oraz zasady ich doboru.
2. zna pojęcia: cyklu, drogi, ścieżki, podgrafu, drzewa. Potrafi narysować przykłady poszczególnych struktur i podać przykłady zastosowań. Potrafi określić występowanie cyklu, drogi, ścieżki w grafie. Potrafi wyznaczyć długość drogi liczbę dróg w grafie o określonej długości i liczbę wszystkich dróg w grafie.
3. zna pojęcie cyklu Eulera i Hamiltona. Potrafi omówić reprezentatywne przykłady. Zna i potrafi zastosować przynajmniej jeden algorytm wyszukiwania cyklu w grafie Eulera/Hamiltona. Potrafi omówić problemy chińskiego listonosza i komiwojażera.
4. zna pojęcie kolorowania grafu. Potrafi podać przykłady zastosowań. Potrafi wyliczyć optymalną liczbę kolorów niezbędną do pokolorowania wierzchołkowego/ krawędziowego grafu. Potrafi podać jeden przykład zastosowania w wizualizacji/kartografii/planowaniu zajęć/ projektowaniu testów aparatury elektronicznej/ przydzielaniu zasobów.

##### **w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zastosować jeden algorytm wyszukiwania minimalnego drzewa rozpinającego w grafie i podać przykład jego zastosowania.
2. potrafi zastosować jeden algorytm wyszukiwania najkrótszej ścieżki w grafie podać przykład jego zastosowania w bioinformatyce.

##### **Treści programowe dla zajęć:**

Grafy (skierowany, nieskierowany, ważony). Klasy grafów. Reprezentacje grafów (listy krawędzi, wierzchołków, macierze sąsiedztwa, incydencji). Własności grafów. Zasady optymalnego doboru reprezentacji grafu. Podstawowe operacje algebraiczne na grafach. Przykłady zastosowania grafów.

Cykl, droga, ścieżka, podgraf, drzewo. Metody znajdowania cyklu, drogi, ścieżki w grafie. Wyznaczanie drogi, liczby dróg o zadanej długości oraz całkowitej liczby dróg w grafie. Przykłady zastosowań w bioinformatyce.

Algorytmy wyszukiwania minimalnego drzewa rozpinającego graf i jego zastosowania w bioinformatyce.

Algorytmy wyszukiwania najkrótszej ścieżki w grafie. Zastosowania w optymalizacji procesach decyzyjnych.

Cykl Eulera i Hamiltona. Algorytmy wyszukiwania cyklu w grafie Eulera/Hamiltona. Problemy chińskiego listonosza i komiwojażera.

Kolorowanie grafów (wierzchołkowe i krawędziowe). Metody wyznaczania optymalnej liczby kolorów niezbędnej do pokolorowania grafu. Przykłady zastosowania.

### Nazwa zajęć: **Podstawy Bioinformatyki strukturalnej**

#### **Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

##### **w zakresie wiedzy:**

1. potrafi opisywać struktury białek oraz zna ogólny zarys eksperymentalnych metod ich otrzymywania
2. rozumie biofizyczne pochodzenie struktury, funkcji i dynamiki białek

##### **w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wizualizować struktury białek

2. potrafi wybrać odpowiednie struktury białek z odpowiednich baz danych i zidentyfikować możliwe błędy w ich strukturach
3. potrafi analizować struktury białek i ich kompleksów w celu uzyskania informacji o ich funkcji, dynamice i stabilności

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. rozumie podstawowe zasady i ograniczenia standardowych metod bioinformatyki strukturalnej

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawy budowy białek - wizualizacja, oddziaływania molekularne, hierarchia budowy białek.

Dane strukturalne - powszechne źródła, bazy danych, formaty danych.

Jakość struktur białkowych - błędy w strukturach, wybór struktur, walidacja.

Standardowe narzędzia i koncepcje - energetyka struktury, popularne metody optymalizacji stochastycznej, kwestie ewolucyjne.

Przewidywanie właściwości strukturalnych 2D na podstawie sekwencji.

Analiza białek - powierzchnie, oddziaływania, miejsca wiązania i szlaki transportowe.

Dynamika białek - natura zespołów strukturalnych, fałdowanie i stabilność, rola w rozpoznawaniu molekularnym, dedukowanie dynamiki na podstawie danych strukturalnych, przewidywanie dynamiki za pomocą analizy drań swobodnych.

Kompleksy białek - czwartorzędowa struktura w bazach danych i jej walidacja, analiza molekularnych powierzchni oddziaływania.

Oddziaływania białko-ligand - małe cząsteczki i ich bazy danych, dokowanie molekularne.

Modelowanie homologiczne - zasady i aspekty praktyczne.

Nazwa zajęć: **Genetyka ewolucyjna i populacyjna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna podstawowe pojęcia z zakresu genetyki i ewolucji
2. zna podstawowe procesy ewolucyjne kształtujące zmienność genetyczną w populacji oraz jej znaczenie dla przebiegu ewolucji
3. zna modele genetyki ewolucyjnej i ich znaczenie w analizach bioinformatycznych
4. zna podstawowe metody analityczne i potrafi wyjaśnić znaczenie badań genomowych dla zrozumienia procesów ewolucyjnych
5. zna znaczenie i zastosowania genetyki populacyjnej w rolnictwie, medycynie i ochronie zagrożonych gatunków

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi nazwać podstawowe procesy kształtujące zmienność genetyczną w populacji oraz wyjaśnić ich znaczenie dla przebiegu ewolucji
2. potrafi posługiwać się modelami genetyki ewolucyjnej i rozumie ich znaczenie w analizach bioinformatycznych
3. potrafi zastosować podstawowe metody analityczne i wyjaśnić znaczenie badań genomowych dla zrozumienia procesów ewolucyjnych
4. potrafi wyjaśnić znaczenie i zastosowanie genetyki populacyjnej w rolnictwie, medycynie i ochronie zagrożonych gatunków

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do wykorzystania wiedzy i kompetencji w zakresie przetwarzania danych biologicznych

**Treści programowe dla zajęć:**

Genetyczne modele ewolucji cech jakościowych i ilościowych.

Mechanizmy generujące i utrzymujące zmienność.

Architektura genetyczna cech.

Zastosowanie teorii genetyki populacyjnej i ewolucyjnej w praktyce bioinformatycznej.

Nazwa zajęć: **Podstawy teoretyczne biologii**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie wybrane pojęcia metodologii nauk przyrodniczych
2. zna i rozumie różne definicje życia, wykorzystujące zróżnicowane podstawy teoretyczne
3. zna i rozumie przykłady emergencji właściwości wynikające ze złożoności zjawisk i procesów biologicznych
4. zna najważniejsze poziomy hierarchicznej organizacji życia
5. zna i rozumie znaczenie procesu symbiozy w ewolucji

6. zna i wymienia najważniejsze strategie życiowe organizmów
7. zna i rozumie termodynamiczne podstawy funkcjonowania ekosystemów
8. zna i rozumie najważniejsze koncepcje teorii ewolucji

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi opisać wpływ sił fizycznych na strukturę i funkcjonowanie życia
2. potrafi określić najważniejsze założenia teorii komórkowej i porównać z założeniami teorii organizmalnej
3. potrafi scharakteryzować poszczególne etapy przepływu informacji genetycznej
4. potrafi wskazać najważniejsze reguły rządzące rozwojem organizmów
5. potrafi przeanalizować ewolucję biologiczną i kulturową w kontekście teorii super-organizmu

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. potrafi samodzielnie formułować wnioski i brać udział w dyskusji naukowej

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawy metodologii pracy naukowej (teoria naukowa, hipoteza, stawianie i testowanie hipotez jako proces tworzenia nauki, metoda naukowa).

Poznanie świata żywego z perspektywy historycznej.

Teoretyczne podstawy nauk biologicznych a definicja życia.

Matematyczne podłoże opisu zjawisk biologicznych (m.in. geometria, symetrie, zbiory).

Świat żywy w okowach fizyki (podstawy termodynamiki, wpływ sił fizycznych na strukturę i funkcjonowanie organizmów.)

Teoria złożoności.

Koncepcja hierarchii i teoria hierarchicznej organizacji życia.

Teoria komórkowa i organizmalna (różnice, podobieństwa, przypadki graniczne).

Podstawowy dogmat biologii molekularnej.

Elementy teorii biologii rozwoju.

Teoria endosymbiotyczna a ewolucyjne innowacje organizmów (rozwiązania metaboliczne, morfologiczne, ekologiczne, powstanie organizmów eukariotycznych).

Wykorzystanie teorii gier do objaśnienia strategii życia organizmów.

Funkcjonowanie ekosystemów (poziomy hierarchii biologicznej, dynamika ekosystemów, struktura troficzna, teoria ekologii ekosystemów i znaczenie węgla, wpływ człowieka na funkcjonowanie ekosystemów).

Koncepcja superorganizmu (organizmy klonalne, organizmy kolonijne, organizmy eusocjalne, ewolucyjne wyjaśnienie koncepcji superorganizmu, ewolucja społeczna człowieka).

Teoria ewolucji (dobór naturalny, adaptacje, dostosowanie, hipoteza Czerwonej Królowej, koewolucja, dobór płciowy).

Nazwa zajęć: **Algorytmy w bioinformatyce sekwencji**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. ma uporządkowaną i podbudowaną teoretycznie wiedzę ogólną i szczegółową w zakresie algorytmów przyrównania sekwencji biologicznych
2. zna podstawowe techniki, metody oraz narzędzia wykorzystywane w procesie rozwiązywania problemów analizy sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych
3. ma wiedzę o istotnych kierunkach rozwoju i najważniejszych osiągnięciach informatyki z zakresu analizy sekwencji biologicznych
4. rozumie, że w bioinformatyce wiedza i umiejętności z zakresu porównywania sekwencji wymagają nieustannego poszerzania

**w zakresie umiejętności:**

1. projektuje, analizuje pod kątem poprawności i złożoności obliczeniowej oraz programuje algorytmy; wykorzystuje podstawowe techniki algorytmiczne i struktur danych
2. umie zastosować algorytm do danych rzeczywistych, ocenić uzyskane wyniki, wyjaśnić i uzasadnić użycie stosowanych technik programistycznych
3. ma świadomość znaczenia wiedzy z zakresu algorytmiki w rozwiązywaniu problemów analizy sekwencji biologicznych

**Treści programowe dla zajęć:**

Algorytmy. Cyfrowa reprezentacja danych. Złożoność obliczeniowa. Rekurencja. Programowanie dynamiczne.

Badanie podobieństw dwu sekwencji, algorytm Nedlemana-Wunscha, algorytm Smitha Watermana.

Macierze podobieństwa, algorytm BLOSUM, algorytm PAM.

Badanie podobieństw wielu sekwencji. Profile. Wyszukiwanie motywów.

Asemlacja. Grafy. Asemlacja de-novo: graf pokrycia, graf de Bruijna. Resekwencjonowanie. Asemlacja de-novo. Genomy referencyjne. Odnajdywanie sygnałów biologicznych. Ukryte Modele Markowa. Problem dekodowania, algorytm Viterbiego. Analiza danych wielowymiarowych; grupowanie, redukcja wymiarów. Biologia syntetyczna, struktury drugorzędowe RNA. Algorytm Nussinov. Badanie jakości i istotności wyników.

Nazwa zajęć: **Regulacja procesów komórkowych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie regulację procesów zachodzących w komórce. Poszczególne wykłady będą dotyczyły różnych poziomów regulacji ekspresji genów, od regulacji na poziomie chromatyny, inicjacji transkrypcji, dojrzewania pierwotnych transkryptów, kontroli jakości RNA, translacji, kierowania do poszczególnych kompartmentów komórkowych i degradacji białek. Studenci poznają też znaczenie tych mechanizmów przy wzroście i różnicowaniu się komórek, a także w przypadku wybranych chorób człowieka.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zrozumieć złożone mechanizmy regulacji procesów komórkowych.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotowy/a do podejmowania dyskusji naukowej i tłumaczenia procesów biologicznych.

**Treści programowe dla zajęć:**

1. Struktura chromatyny i jej wpływ na ekspresję genów: podstawy epigenetyki.
2. Regulacja inicjacji transkrypcji - przykład hormonów steroidowych.
3. Dojrzewanie i kontrola jakości RNA.
4. Podstawy molekularne wybranych chorób człowieka.
5. Podstawy biologii rozwoju.
  1. Izolacja RNA.
  2. Sprawdzenie jakości RNA, jego oczyszczenie i odwrotna transkrypcja.
  3. Sprawdzenie jakości uzyskanego cDNA oraz analiza wybranych genów regulowanych w warunkach stresowych.
  4. Izolacja białek, SDS-PAGE oraz transfer białek z żelu na membranę PVDF.
  5. Immunodetekcja białek na membranie PVDF (western blotting).

Nazwa zajęć: **Podstawy programowania w języku Python**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie podstawowe paradygmaty programowania (strukturalne, obiektowe, funkcyjne) w kontekście języka Python  
2. zna i rozumie składnię języka Python, podstawowe struktury danych i możliwości biblioteki standardowej Pythona  
3. wie, że prawdopodobnie rozwiązanie problemu stojącego przed nią/nim zostało już znalezione i warto korzystać z doświadczenia innych

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi dobrać instrukcje, struktury danych i moduły języka Python właściwe dla rozwiązywanego problemu
2. potrafi korzystać z dodatkowych modułów i pakietów języka Python w celu dodawania nowych funkcjonalności do tworzonych aplikacji
3. potrafi przeanalizować kod źródłowy języka Python, ocenić jego jakość, znaleźć i naprawić typowe błędy
4. potrafi napisać kod, który rozwiązuje problem w sposób efektywny
5. potrafi ocenić pracochłonność zadanego projektu programistycznego i wykonać go w terminie
6. potrafi szukać informacji dotyczących programowania

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotowy/a do ciągłego poszerzania swojej wiedzy, aby osiągnąć sukces w programowaniu
2. Student jest gotowy/a do współpracy z innymi programistami nad projektem programistycznym

**Treści programowe dla zajęć:**

Wstęp do języka Python. Podstawowe struktury danych (typy obiektów): liczby, łańcuchy znaków, listy, krotki, słowniki, zbiory i pliki.

Zmienna, referencja, instrukcje przypisania, instrukcje wyrażen i ich operatory.

Kontrola przepływu programu (instrukcje warunkowe, pętle, wyjątki)

Funkcje. Zasięgi zmiennych. List składane i generatory.  
Moduły i pakiety modułów.  
Moduły biblioteki standardowa języka Python (math, pathlib, os, argparse, re)  
Wprowadzenie do programowania zorientowanego obiektowego. Podstawy tworzenia klas i metod.  
Dziedziczenie, polimorfizm i przeciążanie operatorów. Sposoby modularyzacji skryptów.  
Praktyczne zastosowanie języka Python w analizie danych biologicznych (np. rekordów sekwencji np. rekordów sekwencji FASTA).  
Dokumentacja kodu (styl PEP 8, funkcja dir i help).

Nazwa zajęć: **Biologia komórki**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna budowę komórek, ich strukturalne zróżnicowanie i znaczenie ich części składowych
2. zna i rozumie procesy komórkowe, kluczowe dla funkcjonowania komórek

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wyjaśnić rolę procesów komórkowych w funkcjonowaniu i współdziałaniu komórek, w tym w ramach organizmu jednokomórkowego i wielokomórkowego
2. potrafi wykonać eksperyment laboratoryjny lub obserwację mikroskopową przy zastosowaniu metod umożliwiających badanie struktury komórki i zachodzących w niej procesów, z zachowaniem zasad bezpieczeństwa i higieny pracy w laboratorium oraz reguł etycznych i prawnych

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do wyszukiwania aktualnych źródeł literaturowych i umiejętnego z nich korzystania

**Treści programowe dla zajęć:**

Budowa i funkcje komórki prokariotycznej i eukariotycznej; budowa, funkcja i współdziałanie przedziałów wewnątrzkomórkowych; zróżnicowanie komórek prokariotycznych i eukariotycznych.

Podstawy energetycznego zasilania komórek.

Znaczenie błon w przebiegu procesów komórkowych: transport, wydzielanie, miejsca kontaktowe między przedziałami wewnątrzkomórkowymi.

Cytoskielet komórki, ruch komórki i jej własności biomechaniczne.

Oddziaływanie otoczenia komórki: substancja międzykomórkowa i ściana komórkowa, znaczenie adhezji komórek.

Współdziałanie komórek: znaczenie połączeń międzykomórkowych, zgodność komórkowa i tkankowa.

Integracja sygnałów zewnątrz- i wewnątrzkomórkowych oraz generacja odpowiedzi komórki.

Cykl życiowy komórki: podział, wzrost, różnicowanie, śmierć.

Konsekwencje upośledzenia funkcjonowania komórek: odróżnicowanie, transformacja nowotworowa, cytotoksyczność.

Nazwa zajęć: **Analiza matematyczna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna podstawowe pojęcia związane z funkcjami i ciągami
2. zna znaczenie pojęć: wypukłość, wklęsłość, punkty przegięcia
3. zna pojęcie całki oznaczonej i nieoznaczonej

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi liczyć granicę funkcji; potrafi wyznaczyć górną i dolną granicę ciągu; potrafi obliczyć granicę funkcji, badać ciągłość funkcji oraz inne ich własności
2. potrafi obliczyć pochodną funkcji
3. posługuje się rachunkiem całkowym w stopniu podstawowym
4. rozwiązuje proste równania różniczkowe

**Treści programowe dla zajęć:**

Ciągi liczbowe: ich granica, twierdzenia dotyczące ich zbieżności (np. zbieżność ciągów Cauchy'ego), punkty skupienia ciągów, górna i dolna granica ciągu; granica funkcji; ciągłość i ciągłość jednostajna funkcji.

Wzór Taylora, wypukłość i wklęsłość, punkty przegięcia, reguła de L'Hospitala, twierdzenia o wartości średniej.

Całka oznaczona i nieoznaczona, różne metody całkowania; zastosowania całek.

Pojęcie równania różniczkowego zwyczajnego i jego rozwiązań ogólnego i szczególnego.

Nazwa zajęć: **Programowanie w R**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna składnię języka R i dysponuje szerokim zakresem poleceń

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zidentyfikować problemy, do których rozwiązania język R jest optymalny
2. potrafi pisać funkcje w języku R
3. potrafi debugować i optymalizować napisane przez siebie funkcje
4. potrafi uwspółbieżnić napisany przez siebie kod
5. potrafi zbudować własny pakiet

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do współpracy w zespole

**Treści programowe dla zajęć:**

Wprowadzenie i przypomnienie podstawowych cech i elementów języka R jako narzędzia do specyficznych zastosowań związanych z analizą danych.

Składnia (z naciskiem na te elementy, które wyróżniają R jako język programowania).

Funkcje.

Debugowanie i optymalizacja kodu.

Obliczenia równoległe.

Budowanie własnych pakietów i praca zespołowa.

Nazwa zajęć: **Ekologia obliczeniowa**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna podstawowe modele deterministyczne w ekologii: 1. wzrost wykładniczy, 2. regulacja zależna od zagęszczenia (np. model logistyczny), 3. regulacja wzajemna (równania Lotki-Volterra), 4. regulacja niemonotoniczna (efekt Allee'go).

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi scharakteryzować źródła zmienności losowej wpływającej na przebieg procesów ekologicznych
2. potrafi uzasadnić znaczenie symulacji jako narzędzia zapewniającego replikację w kontrolowanych warunkach
3. potrafi analizować dane pochodzące z eksperymentów symulacyjnych
4. potrafi budować stochastyczne modele wzrostu i regulacji liczebności populacji
5. potrafi budować modele wieloagentowe

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do poszerzania wiedzy, dyskusji i krytycznej oceny wiarygodności uzyskanych wyników

**Treści programowe dla zajęć:**

Modele deterministyczne w ekologii.

Stochastyczność procesów ekologicznych.

Symulacja procesów ekologicznych.

Metody analizy danych z eksperymentów symulacyjnych .

Dynamika i regulacja liczebności populacji.

Zmienność osobnicza i modelowanie wieloagentowe.

Nazwa zajęć: **Życie. Czym jest i skąd się wzięło**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna problemy związane ze sformułowaniem spójnej i uniwersalnej definicji życia
2. zna najważniejsze hipotezy dotyczące pochodzenia życia na Ziemi
3. zna proponowane mechanizmy ewolucji pierwotnych układów samoreplikujących
4. zna empiryczne przesłanki potwierdzające teorie abiogenezy
5. zna czynniki decydujące o możliwości powstania i ewolucji życia na Ziemi

**Treści programowe dla zajęć:**

Czym jest życie - poglądy i definicje.

Warunki istnienia życia.

Abiogeneza, poglądy na powstanie życia na przestrzeni wieków.

Współczesne hipotezy wyjaśniające powstania życia na Ziemi.

Cząsteczki życia - prebiotyczna synteza składników białek i kwasów nukleinowych.

Replikatory - poglądy na ewolucję informacji genetycznej.

Protokomórki.

Ewolucja pierwotnych systemów biologicznych.  
Molekulare skamieliny.  
Metody eksperymentalne w badaniach nad powstaniem życia.  
Czy są możliwe inne formy życia?

Nazwa zajęć: **Wprowadzenie do języka C++**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna składnię języka C++, podstawowe struktury danych i możliwości biblioteki standardowej.
2. rozumie podstawowe paradygmaty programowania (strukturalne, obiektowe, funkcyjne) w kontekście języka C++.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi dobrać instrukcje, struktury danych i biblioteki właściwe dla rozwiązywanego problemu.
2. potrafi przeanalizować kod źródłowy, ocenić jego jakość, znaleźć i naprawić typowe błędy.
3. potrafi napisać kod, który rozwiązuje problem w sposób efektywny.
4. wie, gdzie szukać informacji dotyczących problemów związanych z programowaniem.
5. rozumie, że potrzebna jest zarówno praca własna, jak i stałe poszerzanie swojej wiedzy, aby osiągnąć sukces w programowaniu.
6. potrafi korzystać przynajmniej z jednego zintegrowanego środowiska programistycznego, które ułatwia pisanie oprogramowania w języku C++
7. potrafi odnaleźć odpowiednie informacje w dokumentacji technicznej C++ w języku angielskim

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. potrafi opisać problem, przedyskutować go i znaleźć rozwiązanie wspólnie z innymi programistami (m. in. rozmowa, forum internetowe).

**Treści programowe dla zajęć:**

Wstęp do języka C++ i podstawowe struktury danych.

Instrukcje deklaracji i zmienne, instrukcja przypisania, operatory.

Funkcja main(), preprocesor, pliki nagłówkowe, obiekty cin i cout

Kontrola przepływu programu (instrukcje warunkowe, operatory logiczne, pętle for i while, instrukcja switch, instrukcje break i continue).

Deklarowanie i inicjalizacja wskaźników, arytmetyka wskaźników, alokacja pamięci (automatyczna, statyczna i dynamiczne).

Operacje wejścia-wyjścia, odczyt i zapis plików tekstowych.

Funkcje: definiowanie, prototypowanie i wywołanie. Parametry funkcji i przekazywanie wartości.

Szablony funkcji.

Obiekty klasy string i vector.

Nazwa zajęć: **Biologiczne i biomedyczne bazy danych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna najczęściej wykorzystywane typy i formaty danych biologicznych.
2. zna różne rodzaje i struktury baz danych oraz systemów, które nimi zarządzają.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi scharakteryzować i przeszukiwać systemy do przechowywania oraz przeszukiwania danych literaturowych.
2. potrafi scharakteryzować i przeszukiwać bazy danych sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych oraz powiązane z nimi zasoby.
3. potrafi efektywnie posługiwać się przeglądarkami genomowymi.
4. potrafi wykorzystywać narzędzia do filtrowania i pobierania danych biologicznych.
5. potrafi skutecznie przeszukiwać specjalistyczne bazy danych związane z polimorfizmami, mutacjami u chorobami człowieka.
6. potrafi efektywnie przeszukiwać dostępne zasoby informacyjne Światowej Organizacji Zdrowia (WHO).
7. potrafi scharakteryzować i przeszukiwać specjalistyczne bazy roślin leczniczych, suplementów diety, czy alergenów

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów do aktualizowania, poszerzenia i wzbogacania wiedzy z zakresu biologii molekularnej, bioinformatyki, badań biomedycznych.

**Treści programowe dla zajęć:**

Najczęściej wykorzystywane typy i formaty danych biologicznych.



Rodzaje i struktura baz danych oraz systemy nimi zarządzające.  
Systemy przechowywania oraz przeszukiwania danych literaturowych (MEDLINE, PubMed i inne).  
Bazy danych sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych oraz powiązane z nimi zasoby.  
Przeglądarki genomowe (NCBI, Ensembl, UCSC).  
Przydatne narzędzia do filtrowania i pobierania danych biologicznych.  
Specjalistyczne bazy danych dotyczące polimorfizmów, mutacji i chorób człowieka.  
Zasoby informacyjne Światowej Organizacji Zdrowia (WHO).  
Bazy danych roślin leczniczych, suplementów diety i alergenów.

**Nazwa zajęć: Tips and tricks: skuteczne wyszukiwanie informacji oraz ich wizualizacja**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie umiejętności:**

1. potrafi przeprowadzić profesjonalną kwerendę naukową z wykorzystaniem zasobów sieci (m.in. wyszukiwarek specjalistycznych oraz wybranych baz danych).
2. potrafi poprawnie sformatować tekst naukowy.
3. potrafi automatycznie tworzyć cytacje oraz zarządzać bibliografią podczas pisania prac naukowych.
4. potrafi tworzyć nowoczesne prezentacje multimedialne.
5. potrafi poprawnie wizualizować informacje w celu zwiększenia skuteczności przekazu.

**Treści programowe dla zajęć:**

Skuteczne wyszukiwanie informacji naukowej w sieci.  
Mechanizmy działania wyszukiwarek internetowych.  
Edycja teksów naukowych: zaawansowane funkcje edytorów tekstowych.  
Endnote – automatyczne tworzenie cytacji oraz zarządzanie bibliografią.  
Tworzenie nowoczesnych prezentacji multimedialnych (Power Point, Canva, Prezi).

**Nazwa zajęć: Język angielski B22**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie umiejętności:**

1. potrafi tworzyć ustne wypowiedzi na przygotowane tematy, prezentować i argumentować swoje stanowisko oraz innych osób na tematy związane ze swoim otoczeniem jak ja na tematy ogólno-akademickie.
2. potrafi czytać ze zrozumieniem teksty w języku angielskim o charakterze ogólnym jak i akademickim, związanym z kierunkiem studiów, oraz analizować ich treść i wybierać niezbędne informacje.
3. potrafi zrozumieć oryginalny materiał audio lub wideo na większość tematów dotyczących życia codziennego, kulturalnego i społecznego, na poziomie ogólnym jak i wychwytyjąc niezbędne szczegóły.
4. potrafi przygotować i wygłosić prezentacje na wybrany temat.
5. potrafi opracować teksty oraz wypowiedzi dotyczące życia społecznego, uniwersyteckiego i zawodowego.
6. potrafi redagować wybrane teksty w stylu formalnym.
7. potrafi uzupełniać i doskonalić nabytą wiedzę i umiejętności.

**Treści programowe dla zajęć:**

Swobodne posługiwanie się czasami gramatycznymi w języku angielskim.  
Inne struktury gramatyczne potrzebne do wyrażania różnorodnych treści i opinii: strona bierna, następstwo czasów, zdania celu, porównania, rzeczowniki policzalne i niepoliczalne, przedimki.  
Słownictwo dotyczące problematyki współczesnego świata w zakresie następujących tematów: system sprawiedliwości, przestępstwa internetowe, świat mediów i e-mediów, problematyka biznesu i ekonomii, reklamy, nowoczesne miasta, wystąpienia publiczne, problemy współczesnej nauki, tematyka science-fiction oraz wybrane słownictwo akademickie i specjalistyczne związane z kierunkiem studiów.

Strategie efektywnego czytania w celu zrozumienia ogólnego sensu wypowiedzi w tekstach popularno-naukowych oraz specjalistycznych; domyślanie się znaczenia nieznanymi słów w zakresie bloków tematycznych określonych w treści 3.

Strategie efektywnego słuchania w celu zrozumienia ogólnego sensu wypowiedzi; domyślanie się znaczenia nieznanymi słów w zakresie bloków tematycznych określonych w treści 3.

Udzielanie odpowiedzi, udział w dyskusji oraz wyrażanie różnorodnych funkcji językowych w zakresie tematyki określonej w treści 3.

**Nazwa zajęć: Biologia nowotworów i ich mikrośrodowiska**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna terminologię naukową stosowaną w zakresie onkologii i biologii nowotworów oraz danych epidemiologicznych nowotworów w Polsce i na świecie
2. zna metody wizualizacji i badań nowotworów, w tym badań na liniach komórek nowotworowych w poszukiwaniu nowych terapii
3. zna i rozumie możliwości i znaczenie diagnostyki onkologicznej
4. zna heterogenność komórek nowotworowych pod względem ich budowy i funkcji z uwzględnieniem zmian biochemicznych
5. zna i rozumie mechanizmy komunikowania się komórek nowotworowych z otoczeniem oraz ich efekty
6. zna immunogenność nowotworów oraz sposoby ucieczki komórek nowotworowych spod nadzoru immunologicznego
7. zna sposoby walki z nowotworami, zależności między budową i funkcjonowaniem nowotworu a strategiami walki z nim i jego mikrośrodowiskiem

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi interpretować i opisywać obrazy preparatów histologicznych nowotworów (z uwzględnieniem cech złośliwości komórek nowotworowych i cech mikrośrodowiska oraz wynikami reakcji immunohistochemicznych określających profile molekularne komórek)
2. potrafi prawidłowo interpretować dane literaturowe, dyskutować o nich oraz zastosować właściwą formę ich prezentacji
3. potrafi pracować zarówno indywidualnie, jak i w grupie podczas zajęć

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest zdolny/a do samodzielnego wyszukiwania danych literaturowych, ich krytycznej interpretacji

**Treści programowe dla zajęć:**

Terminologia naukowa w zakresie onkologii, biologii nowotworów i ich mikrośrodowiska, metody wizualizacji nowotworów oraz badań, w tym wykorzystywanie linii komórek nowotworowych w poszukiwaniu nowych terapii.

Dane epidemiologiczne wybranych typów nowotworów w Polsce i na świecie.

Metody i badania stosowane w ramach diagnostyki onkologicznej (immunohistochemia, badania molekularne/mutacje).

Zmiany biochemiczne w komórkach nowotworowych oraz ich heterogenność morfologiczna i funkcjonalna (macierzyste komórki nowotworowe, niemacierzyste komórki nowotworowe, cechy złośliwości, przejście epithelialno-mezenchymalne komórek nowotworowych, nadekspresja białek oporności wielolekowej, proliferacja i apoptoza).

Komunikacja komórek nowotworowych z otoczeniem - jej mechanizmy i efekty (nanotuby, egzosomy, trogocytoza).

Immunogenność nowotworów i mechanizmy ucieczki komórek nowotworowych spod nadzoru immunologicznego (immunosupresja nowotworów).

Ocena obrazów histologicznych z materiałem tkankowym pochodzącym od pacjentów z uwzględnieniem rozpoznawania cech komórek nowotworowych, składników ich mikrośrodowiska i wyniku reakcji immunohistochemicznych na wybrane markery nowotworowe.

**Nazwa zajęć: Bazy danych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie podstawowe cechy i zadania systemu zarządzania relacyjną bazą danych
2. zna rolę systemu baz danych w systemie informatycznym i jego przykładowe architektury
3. zna i rozumie istotę oraz składowe relacyjnego modelu danych oraz jego podstawę teoretyczną
4. zna i rozumie podstawowe pojęcia i własności nierelacyjnych baz danych
5. rozumie potrzebę normalizacji schematu, nakładania ograniczeń integralnościowych
6. zna metody optymalizacji wykonywania zapytań, w tym budowę i rodzaje indeksów i fizyczną strukturę zapisu danych w bazie
7. zna pojęcie i własności transakcji w bazie danych; rozumie trudności wynikające ze współbieżnego wykonywania transakcji; zna koncepcję blokad oraz poziomów izolacji transakcji

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zaprojektować relacyjną bazę danych w modelu koncepcyjnym oraz ocenić istniejący schemat
2. potrafi dobrać odpowiednie rozwiązanie bazodanowe do rzeczywistego problemu
3. wykonuje podstawowe i zaawansowane operacje na bazie danych z wykorzystaniem języka SQL
4. programuje serwer bazodanowy
5. potrafi znormalizować i zdenormalizować schemat
6. stosuje odpowiedni poziom izolacji transakcji

7. potrafi zaprojektować i zaimplementować prosty system bazodanowy
8. korzysta z odpowiednich metod optymalizacji zapytań

**Treści programowe dla zajęć:**

Historia baz danych; Modele baz danych; Podstawowe pojęcia relacyjnego modelu danych: relacja, atrybut, krotka, klucz podstawowy, klucz obcy, inne ograniczenia integralnościowe; algebra relacji i rachunek relacji; standardy SQL

Modelowanie konceptualne bazy danych na diagramie ER; związki 1:1, 1:N i N:M, ograniczenia udziału, encje słabe, związki cykliczne; zasadny transformacji diagramu ER do modelu relacyjnego

Pojęcie zależności funkcyjnej, klucz kandydujący, klucz główny i nadklucz; postaci normalne; omówienie zasad i algorytmów normalizacji oraz anomalii wynikających z braku normalizacji

Język SQL – polecenie SELECT – filtrowanie, projekcja, sortowanie; podzapytania; złączenia wewnętrzne i zewnętrzne, samo-złączenia oraz anty-złączenia; funkcje agregujące oraz grupowanie; operacje na zbiorach

Język SQL – polecenia DDL oraz DML; tworzenie obiektów bazodanowych; typy danych; metadane

Język SQL – widoki, wyrażenia tablicowe CTE, tabele i zmienne tablicowe; elementy programowania bazy danych: funkcje i procedury użytkownika, skrypty, operator APPLY; procedury wyzwalane.

Optymalizacja zapytań - optymalizacja regułowa i kosztowa; analiza planu wykonania zapytania; statystyki; rola i budowa indeksów; B+-drzewa; indeksy klastrujące i nieklastrujące; fizyczna organizacja danych w bazie danych, strony, zakresy, wielkość strony, podział stron.

Transakcje w bazach danych - pojęcie transakcji, własności ACID; uszeregowalność transakcji; pojęcie blokady, algorytm 2PL; poziomy izolacji transakcji oraz anomalie; dziennik logu transakcji

Podstawy tworzenia aplikacji bazodanowych

Bazy rozproszone, partycjonowanie, bazy NoSQL

**Nazwa zajęć: Socjobiologia**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. rozumie mechanizmy ewolucyjne kształtujące zachowania społeczne zwierząt

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zastosować proste modele matematyczne do analizy zachowań społecznych
2. potrafi formułować testowalne przewidywania wynikające z hipotez dotyczących ewolucji zachowań społecznych i zaplanować odpowiednie eksperymenty
3. potrafi krytycznie ocenić informacje na temat zachowań społecznych pojawiające się w mediach

**Treści programowe dla zajęć:**

Zachowanie społeczne jako cecha podlegająca doborowi naturalnemu.

Koncepcja stabilności ewolucyjnej jako narzędzie badania zachowań społecznych.

Dobór krewniaczy i rola pokrewieństwa genetycznego w ewolucji zachowań społecznych.

Altruizm rozrodowy i reprodukcyjny podział pracy.

Altruizm wzajemny i ewolucja współpracy.

Zachowania samolubne i konflikty; ewolucyjna stabilność agresji.

Ewolucyjne konsekwencje konkurencji rozrodowej, dobór i konflikt płciowy.

Opieka nad potomstwem i konflikty międzypokoleniowe.

Ewolucyjna stabilność systemów komunikacji międzypokoleniowej.

**Nazwa zajęć: Podstawy analizy danych NGS**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. posiada wiedzę na temat aktualnie stosowanych protokołów analizy danych z eksperymentów opartych o sekwencjonowanie

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi ocenić jakość danych wejściowych otrzymanych z technik wysokoprzepustowego sekwencjonowania
2. potrafi przeprowadzić standardową analizę danych wysokoprzepustowych z użyciem powszechnie dostępnych narzędzi bioinformatycznych
3. potrafi zinterpretować wyniki przeprowadzonych analiz

**Treści programowe dla zajęć:**

Analiza jakości danych uzyskanych z wysokoprzepustowego sekwencjonowania

Algorytmy i narzędzia stosowane do mapowania odczytów pochodzących z wysokoprzepustowego sekwencjonowania do sekwencji referencyjnych

Identyfikacja polimorfizmu genetycznego na podstawie danych uzyskanych z wysokoprzepustowego sekwencjonowania

Profilowanie ekspresji genów na podstawie danych uzyskanych z wysokoprzepustowego sekwencjonowania: transkryptom, małe RNA oraz identyfikacja alternatywnego składowania mRNA

Analiza różnicowej ekspresji genów na podstawie danych uzyskanych z wysokoprzepustowego sekwencjonowania.

Identyfikacja rejonów DNA wiążących białka na podstawie danych uzyskanych z wysokoprzepustowego sekwencjonowania

Analiza porównawcza i interpretacja publicznie dostępnych danych uzyskanych za pomocą różnych technik opartych o wysokoprzepustowe sekwencjonowanie.

**Nazwa zajęć: Analizy kopalnego DNA**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie czym jest kopalny DNA i jakie są metody jego pozyskiwania oraz zna bazy kopalnych genomów mitochondrialnych, które można wykorzystać w badaniach populacji ludzkich

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi przyrównać sekwencje kopalnego DNA do sekwencji referencyjnej oraz oznaczyć autentyczność otrzymanych sekwencji kopalnego DNA

2. potrafi określić przynależność haplogrupową na podstawie SNP regionu kodującego i kontrolnego mitochondrialnego DNA przy użyciu m.in. narzędzi tj. Haplofind i Haplogrep

3. potrafi przeprowadzić podstawowe analizy z zakresu genetyki populacyjnej bazujące na częstościach haplogrup mtDNA

4. potrafi dokonać obróbki sekwencji i analizy jakości wyników sekwencjonowania wysokoprzepustowego

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. zna i rozumie czym jest kopalny DNA i jakie są metody jego pozyskiwania oraz potrafi wykorzystać bazy kopalnych genomów mitochondrialnych w badaniach populacji ludzkich

**Treści programowe dla zajęć:**

Analiza sekwencji kopalnego DNA, w tym przyrównanie do sekwencji referencyjnej i ocena autentyczności sekwencji kopalnego DNA.

Oznaczenie przynależności haplogrupowej mtDNA oraz podział filogeograficzny haplogrup mtDNA w populacjach ludzkich.

Podstawowe analizy z zakresu genetyki populacyjnej bazujące na mtDNA stosowane w badaniach pochodzenia i migracji ludzkich populacji pradziejowych.

Ogólna charakterystyka kopalnego DNA, jego zachowania w materiałach kostnych oraz metod pozyskiwania i sekwencjonowania. Wykorzystania baz danych kopalnego mtDNA.

Podstawowe analizy oceny jakości i obróbki wyników sekwencjonowania wysoko-przepustowego.

**Nazwa zajęć: Programowanie obiektowe w C++**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna wybrane zagadnienia języka C++ w stopniu zaawansowanym.

2. rozumie ideę programowania obiektowego i potrafić wykorzystać jego techniki we własnej pracy programistycznej

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi samodzielnie kontynuować kształcenie w dziedzinie programowania w C++

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. potrafi opisać problem, przedyskutować go i znaleźć rozwiązanie wspólnie z innymi programistami (m. in. rozmowa, forum internetowe).

**Treści programowe dla zajęć:**

Wybrane, zaawansowane zagadnienia związane z programowaniem w języku C++.

Programowanie obiektowe w C++ (klasy i obiekty, metody, konstruktory i destruktory, operatory, polimorfizm, dziedziczenie i inne cechy programowania obiektowego).

Projekt programistyczny, mający na celu rozwiązanie wybranego problemu, np. z dziedziny algorytmiki.

**Nazwa zajęć: Tworzenie aplikacji internetowych w Django (Python)**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie podstawy tworzenia aplikacji internetowych za pomocą frameworku Django.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi samodzielnie zaprojektować i zaimplementować dynamiczną aplikację internetową zawierającą bazę danych i funkcje komunikacji z użytkownikami za pomocą formularzy.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotowy/a wziąć aktywny udział w realizacji projektów bioinformatycznych związanych z tworzeniem baz danych i serwisów internetowych.

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawowe informacje na temat budowy aplikacji internetowych: rozróżnienie technologii na: 'backend' i 'frontend'. Koncepcja dynamicznego dostarczania treści.

Struktura i składnia dokumentów HTML oraz podstawy języka CSS i frameworku Bootstrap.

Struktura projektu Django (katalogi aplikacji, modele, widoki, adresy URL, szablony HTML, pliki statyczne, plik settings.py), konfiguracja bazy danych i aplikacji administratora.

Zaprojektowanie i implementacja aplikacji Django zbierającej aktualne wydarzenia naukowe z wielu serwisów internetowych (np. Nature, Science, The New Scientist) [format JSON, dodanie wzorców adresów URL do widoków, dziedziczenie szablonów].

Zaprojektowanie i implementacja aplikacji Django obsługującej bazę danych na przykładzie blogu poświęconego bioinformatyce [tworzenie modeli, migracje, praca z obiektami QuerySet, tworzenie formularzy na podstawie modelu].

Zarządzanie użytkownikami – rejestracja, logowanie i uwierzytelnianie użytkowników.

Samodzielne zaprojektowanie i implementacja aplikacji Django (na przykładzie biologicznym) umożliwiającej komunikację z użytkownikiem poprzez zastosowanie formularzy [tworzenie formularzy w Django, ich obsługa w widoku oraz generowanie w szablonie].

Nazwa zajęć: **Język angielski B1**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi tworzyć ustne wypowiedzi na przygotowane tematy, prezentować i argumentować swoje stanowisko oraz innych osób na tematy związane ze swoim otoczeniem jak ja na tematy ogólno-akademickie

2. potrafi czytać ze zrozumieniem teksty w języku angielskim o charakterze ogólnym jak i akademickim oraz analizować ich treść i wybierać niezbędne informacje

3. potrafi zrozumieć dostosowany do poziomu oryginalny materiał audio lub wideo na poziomie ogólnym oraz wychwytywać niezbędne szczegóły

**Treści programowe dla zajęć:**

Czasy gramatyczne potrzebne do wyrażania różnorodnych czynności osadzonych w czasie Present Simple and Present Continuous, Narrative Tenses, Present Perfect and Present Perfect Continuous, Future Perfect and Future Continuous.

Inne struktury gramatyczne potrzebne do wyrażania różnorodnych treści i opinii: mowa zależna oraz pytania w mowie zależnej, formy przymiotnikowe i przysłówkowe.

Słownictwo dotyczące życia codziennego oraz jak i ogólno-akademickie w zakresie następujących tematów: praca, rozmowa kwalifikacyjna o pracę, służba zdrowia, podróżowanie, moda oraz dress code, środowisko naturalne, zmiany klimatyczne.

Strategie efektywnego czytania w celu zrozumienia ogólnego sensu wypowiedzi; domyślanie się znaczenia nieznanymi słów w zakresie bloków tematycznych określonych w treści 3.

Strategie efektywnego słuchania w celu zrozumienia ogólnego sensu wypowiedzi; domyślanie się znaczenia nieznanymi słów w zakresie bloków tematycznych określonych w treści 3.

Udzielanie odpowiedzi, udział w dyskusji oraz wyrażanie różnorodnych funkcji językowych w zakresie: przeprowadzania oraz udziału w rozmowie kwalifikacyjnej o pracę, przedstawiania problemów, moderowania dyskusji oraz wyrażania opinii na tematy zawarte w treści 3.

Nazwa zajęć: **Enzymologia molekularna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna budowę i działanie enzymów, kinetykę enzymatyczną, właściwości enzymów oraz strategie katalityczne i regulacyjne enzymów

2. zna rolę enzymów w procesach zachodzących w komórkach zarówno w warunkach naturalnych jak i stresowych, powiązać główne szlaki metaboliczne

3. zna wykorzystanie biokatalizatorów w przemyśle i medycynie; strategie enzymatycznej aktywacji leków

4. zna metody mapowania miejsc aktywnych i grup katalitycznych enzymu, metody projektowania i uzyskiwania zmodyfikowanych enzymów, w tym sztucznych enzymów

**Treści programowe dla zajęć:**

Chemiczne różnicowanie enzymów; klasyfikacja enzymów; kinetyka reakcji enzymatycznych; energia swobodna i stan przejściowy; parametry kinetyczne; inhibicja odwracalna/nieodwracalna; enzymy z kinetyką Michaelisa-Menten/allosteryczne; aktywność enzymatyczna/właściwa; reakcje sprzężone; enzymy białkowe; rybozomy; deoksyrybozomy.

Rola enzymów w integracji i regulacji szlaków metabolicznych w komórce; strategie katalityczne i regulacyjne.

Praktyczne wykorzystanie enzymów: biosensory, przeciwciała katalityczne (abzymy), diagnostyka i terapia, detergenty, popularne biotransformacje chemiczne, produkcja biopaliw.

Nazwa zajęć: **Algebra liniowa**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie podstawowe struktury algebraiczne występujące w algebrze liniowej (ciało liczb rzeczywistych, zespolonych i ciało reszt mod  $p$ , grupa permutacji zbioru  $n$ -elementowego).

2. zna i rozumie podstawowe pojęcia związane z wektorami (wektor w przestrzeni  $n$ -wymiarowej, wektory liniowo niezależne, powłoka liniowa, wymiar i baza).

3. zna i rozumie podstawowe pojęcia związane z macierzami (macierz  $m$  na  $n$ , wyznacznik macierzy, rząd macierzy, macierz odwrotna, operacja elementarna, postać schodkowa i schodkowa zredukowana, odwzorowanie liniowe, macierz przejścia).

4. zna i rozumie podstawowe pojęcia związane z układami równań liniowych (układ równań liniowych, zbiór rozwiązań, rozwiązania w postaci parametrycznej).

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wykonywać obliczenia i rozwiązywać proste równania w strukturach algebraicznych wykorzystywanych w algebrze liniowej (w ciele liczb zespolonych, w ciałach reszt mod  $p$ , na wektorach  $n$ -wymiarowych i macierzach, w grupie permutacji).

2. posiada kompetencje związane z układami wektorów i układami równań liniowych (potrafi wybierać podzbiór będący bazą powłoki liniowej zadanych wektorów, obliczać rząd i wyznacznik macierzy i wyciągać wnioski na podstawie obliczonych wartości, obliczać wymiar zadanej powłoki liniowej, uzupełniać układ liniowo niezależny do bazy przestrzeni, przechodzić pomiędzy różnymi formami zapisu układu równań liniowych, rozwiązywać układ i zapisywać rozwiązania w postaci parametrycznej, znajdować równania opisujące prostą lub płaszczyznę przechodzącą przez zadane punkty, znajdować punkty przecięcia prostych i płaszczyzn, zadanych równaniami lub układami równań, obliczać wektor o zadanych współrzędnych w danej bazie, obliczać współrzędne w zadanej bazie dla danego wektora, przeliczać współrzędne wektora w jednej bazie na współrzędne w innej bazie).

3. potrafi obliczać pole/objętość równoległoboku/trójkąta/czworościanu o zadanych wierzchołkach.

**Treści programowe dla zajęć:**

1. Podstawowe struktury algebraiczne: grupa, grupa przemienna, ciało.

Własności działań, grupy i ciała złożone z liczb rzeczywistych, ciała liczb zespolonych, ciała rzędu  $p$ . Obliczenia i rozwiązywanie równań w ciele liczb zespolonych i w ciałach rzędu  $p$ : obliczanie wyrażeń złożonych z wykorzystaniem dodawania, odejmowania, mnożenia, dzielenia i (w przypadku liczb zespolonych) sprzężenia, rozwiązywanie równań przez odwracanie kolejnych operacji, obliczenia także w pierścieniach reszt mod  $n$  dla  $n$  niekoniecznie będącego liczbą pierwszą.

2. Przestrzeń wektorów  $n$ -wymiarowych.

Przestrzeń  $K^n$ , działania na wektorach, przestrzeń afiniczna, dzielenie odcinka, wektory w trójkącie, kombinacja liniowa i wypukła, powłoka liniowa, podprzestrzeń liniowa i afiniczna.

Znajdowanie współrzędnych punktów na odcinku i w trójkącie, parametryzacja powłok liniowych, prostych i płaszczyzn przechodzących przez określone punkty.

3. Macierze i działania na nich. Terminologia, działania na macierzach, macierz jednostkowa i zerowa, własności działań na macierzach, równanie  $Ax=b$ , działania na macierzach w języku Python. Wykonywanie działań na macierzach, rozwiązywanie prostych równań.

4. Macierze odwracalne.

Macierze odwracalne, metoda eliminacji Gaussa-Jordana, odwracanie macierzy metodą eliminacji, przykłady w języku Python.

Sprowadzanie macierzy do postaci schodkowej i schodkowej zredukowanej, sprawdzanie odwracalności.

5. Wektory liniowo niezależne i baza przestrzeni

Liniowa zależność i niezależność układu wektorów, liniowa niezależność wektora od układu, baza i wymiar przestrzeni.

Mnożenie macierzy jako obliczanie kombinacji liniowych wierszy i kolumn, przechodzenie pomiędzy mnożeniem a takimi kombinacjami, rozpoznawanie liniowej niezależności układu wektorów w przestrzeni trójwymiarowej, wybieranie maksymalnego podzbioru liniowo niezależnego (bazy podprzestrzeni), uzupełnianie do bazy.

6. Szybkie obliczanie rzędu macierzy i co z tego wynika

Związek rozwiązalności układu równań liniowych z własnościami funkcji liniowej o tej samej macierzy współczynników, obraz funkcji liniowej jako powłoka liniowa układu kolumn macierzy, Równoważne definicje rzędu, niezmienniczość w operacjach elementarnych, obliczanie rzędu, własności rzędu, rząd macierzy klatkowej.

Obliczanie rzędu macierzy, sprawdzanie odwracalności macierzy, sprawdzanie własności układu wektorów (podzbiór liniowo niezależny, wymiar powłoki liniowej, baza).

7. Układy równań liniowych

Sposoby patrzenia na układ równań liniowych, sprawdzanie rozwiązalności, rozwiązywanie metodą eliminacji, interpretacja wyniku algorytmu (zbiór rozwiązań), problem dzielenia przez zero przy obliczeniach numerycznych.

Znajdowanie zbiorów rozwiązań zadanych układów równań. Znajdowanie równań opisujących prostą lub płaszczyznę przechodzącą przez zadane punkty.

8. Zbiór rozwiązań układu równań liniowych

Przedstawienie rozwiązania parametrycznego w postaci wektorowej, liniowa niezależność otrzymanych wektorów, twierdzenie Kroneckera-Capellego.

Znajdowanie punktów przecięcia zadanych prostych, płaszczyzn itp. Baza podprzestrzeni liniowej/afinicznej zadanej warunkami.

9. Wyznacznik macierzy. Definicja rekurencyjna przez rozwinięcie Laplace'a, orientacja układu wektorów liniowo niezależnych, równoważne kryteria odwracalności macierzy, wyznaczniki macierzy  $1 \times 1$ ,  $2 \times 2$ ,  $3 \times 3$ , szybkie obliczanie wyznacznika, wyznacznik iloczynu macierzy. Obliczanie wyznacznika macierzy, obliczanie pola równoległoboku i objętości równoległościanu.

10. Odwzorowania liniowe i afiniczne

Funkcje liniowe i afiniczne z  $R$  do  $R$ , uogólnienie na przestrzenie skończone wymiarowe, postać macierzowa podstawowych przekształceń geometrycznych (translacja, obrót, jednokładność, symetria), wyprowadzenie warunków liniowości z postaci macierzowej, odwzorowywanie układu wektorów jako mnożenie macierzy.

Znajdowanie wzorów na konkretne przekształcenia geometryczne, znajdowanie obrazów figur geometrycznych w takich przekształceniach. Ustalanie własności przekształceń afinicznych (zmiana pola lub objętości, zmiana lub zachowanie orientacji).

11. Permutacje zbioru  $n$ -elementowego

Co to jest permutacja, zapis permutacji za pomocą tabelki, grupa permutacji, znak i parzystość, macierz permutacyjna.

Działania na permutacjach, rozwiązywanie równań w grupie permutacji, zamiana permutacji na macierz permutacyjną i odwrotnie, mnożenie przez macierze permutacyjne.

12. Bazy i macierze przejścia

Baza a układ współrzędnych, przeliczanie między współrzędnymi, macierz odwzorowania liniowego w bazie kanonicznej i w zadanej bazie, macierz przejścia, macierz permutacyjna jako macierz przejścia. Przeliczanie współrzędnych między różnymi bazami, przeliczanie macierzy przekształcenia w różnych bazach.

13. Iloczyn skalarny

Definicja, własności algebraiczne, związek z długością wektora, odległość, prostopadłość, kąt między wektorami, korelacja wektorów, rozbicie wektora na składowe prostopadłe, ortogonalizacja układu wektorów. Krótka informacja o regresji liniowej (problem dopasowania współczynników w wieloczynnikowym modelu liniowym, przybliżenie wektora przez kombinację liniową układu wektorów).

**Nazwa zajęć: Bioinformatyka mikroorganizmów i wirusów**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie molekularne podstawy budowy i funkcjonowania mikroorganizmów i wirusów
2. zna i rozumie budowę genomu oraz molekularne mechanizmy przepływu informacji genetycznej u mikroorganizmów i wirusów oraz potrafi wskazać różnice w porównaniu do innych organizmów
3. zna pojęcie i zasady adnotacji genomów

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wskazać implikacje specyfiki genetycznej mikroorganizmów i wirusów w bioinformatyce
2. potrafi scharakteryzować aktualne molekularne metody identyfikacji mikroorganizmów a także umie wykorzystywać je w praktyce
3. potrafi analizować dane dotyczące ewolucji dywergentnych genomów mikroorganizmów i wirusów
4. potrafi stosować nowoczesne narzędzia bioinformatyczne w badaniach nad mikroorganizmami i wirusami oraz wskazać potrzeby i zaproponować nowe rozwiązania w tym zakresie

**Treści programowe dla zajęć:**

Budowa i różnorodność bakterii, archeonów, mikroorganizmów eukariotycznych i wirusów.

Podstawy genetyki i genomiki mikroorganizmów i wirusów.

Mechanizmy ewolucji genomów mikroorganizmów i wirusów.

Horizontalny transfer genów.

Molekularne metody identyfikacji mikroorganizmów.

Narzędzia bioinformatyczne i bazy danych stosowane w mikrobiologii i wirusologii.

Techniki adnotacji i kuracji małych genomów.

Przegląd aktualnych problemów i podejść badawczych w bioinformatyce mikroorganizmów i wirusów.

**Nazwa zajęć: Mechanizmy regulacyjne zależne od RNA**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie różne role wypełniane przez RNA w procesach komórkowych, i różnice między konstytutywnymi i regulatorowymi RNA
2. rozumie mechanizmy działania RNA w roli czynników regulatorowych na różnych etapach ekspresji genów
3. zna podstawowe techniki związane z praktycznym wykorzystaniem mechanizmów regulatorowych zależnych od RNA
4. zna mechanizmy regulacyjne w komórce i rolę jaką odgrywają w nich niekodujące RNA

**Treści programowe dla zajęć:**

Struktura i funkcje RNA.

Znaczenie struktur RNA jako elementów regulatorowych działających in cis.

Rola RNA w regulacji aktywności transkrypcyjnej.

Niekodujące RNA jako czynniki regulacji potranskrypcyjnej.

Rola RNA w procesach epigenetycznych - zmiana struktury chromatyny, modyfikacja histonów.

Rola niekodujących RNA w patogenezie chorób człowieka.

Praktyczne zastosowanie procesów regulacji zależnych od RNA w badaniach podstawowych, medycynie i biotechnologii - katalityczne RNA, aptamery, CRISPR.

**Nazwa zajęć: Technologie Internetowe**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna zagadnienia związane z bezpieczeństwem usług w Internecie
2. zna podstawowe aspekty związane z komercyjnym wykorzystaniem stron WWW
3. zna zagadnienie wykorzystania ciasteczek i innych danych przechowywanych w przeglądarce
4. zna architekturę klient-serwer

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wykorzystać podstawowe narzędzia przydatne w pracy z Internetem
2. potrafi stworzyć stronę internetową korzystając z HTML oraz CSS, jak również dynamiczną stronę internetową
3. potrafi korzystać z narzędzi zwiększających prywatność w Internecie
4. potrafi operować danymi w formacie JSON
5. potrafi stworzyć prostą aplikację internetową opartą o chmurę

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotowy/a do samodzielnego dalszego kształcenia się w dziedzinie technik internetowych
2. jest gotowy/a do tworzenia ogólnodostępnych aplikacji internetowych
3. jest gotowy/a do komercyjnego wykorzystania zdobytych umiejętności

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawowe pojęcia oraz zagadnienia związane z usługami internetowymi.

Prywatność i bezpieczeństwo w Internecie, zagadnienia takie, jak: ciasteczka, webstorage, tryb incognito, AdBlock, konfiguracja proxy, firewall oraz UFW.

Przesyłanie danych w Internecie: architektura klient-serwer, MVC, webserwisy.

Tworzenie witryn internetowych, m.in. z wykorzystaniem HTML, CSS, JavaScript.



Stworzenie prostej aplikacji w chmurze: Google Firebase / Amazon WS / MS Azure / Google Cloud Platform.

Bezpieczeństwo stron www - protokół HTTPS.

Nazwa zajęć: **Elementy niespecjalistyczne w pracy absolwenta**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie główne elementy procesu osiągania porozumienia
2. zna i rozumie mechanizmy skutecznej komunikacji ustnej i pisemnej
3. zna i rozumie czynniki zwiększające skuteczność działania oraz ułatwiające zarządzania zmianą
4. zna i rozumie wybrane kwestie dotyczące savoir-vivre w sytuacjach zawodowych
5. zna i rozumie mechanizmy działające na rynku pracy oraz dotyczące procedury szukania pracy

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi prawidłowo zinterpretować przykładowe sytuacje związane z działaniami zawodowymi

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do działania w sytuacjach zawodowych

**Treści programowe dla zajęć:**

Dogadywanie się, negocjacje.

Komunikacja ustna i pisemna; asertywność.

Skuteczne działanie; zarządzanie zmianą osobistą.

Savoir-vivre w sytuacjach zawodowych.

Rynek pracy i proces szukania pracy.

Nazwa zajęć: **Bioinformatyka RNA**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. posiada wiedzę na temat aktualnie stosowanych metod przewidywania i modelowania struktury drugorzędowej cząsteczek RNA
2. posiada wiedzę na temat metod bioinformatycznych służących do adnotacji cząsteczek ncRNA w sekwencjach genomowych
3. posiada wiedzę na temat wpływu struktury na funkcjonowanie cząsteczek RNA

**w zakresie umiejętności:**

1. stosować w praktyce poznane metody przewidywania i analizy struktury drugorzędowej RNA
2. zastosować dane eksperymentalne do modelowania struktury drugorzędowej RNA
3. porównywać ze sobą sekwencje cząsteczek RNA z uwzględnieniem ich cech strukturalnych
4. stosować aktualne narzędzia i metody bioinformatyczne do adnotacji genów ncRNA w sekwencjach genomowych

**Treści programowe dla zajęć:**

Przewidywanie struktury drugorzędowej RNA za pomocą metod termodynamicznych, probabilistycznych oraz porównawczych

Analiza kształtów abstrakcyjnych RNA

Modelowanie struktury drugorzędowej RNA z zastosowaniem danych eksperymentalnych

Metody porównań sekwencyjno-strukturalnych RNA oraz modele kowariancji w sekwencjach RNA

Modelowanie dynamiki fałdowania RNA

Wyszukiwanie i adnotacja genów ncRNA

Nazwa zajęć: **Sieci interakcji ekologicznych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna podobieństwa i różnice między siecią interakcji ekologicznych a sieciami tworzonymi przez człowieka.
2. zna koncepcje i pojęcia z teorii grafów i teorii małych światów i potrafi zastosować odpowiednie narzędzia do zbadania sieci ekologicznych.
3. rozumie w jaki sposób natura jest źródłem inspiracji w tworzeniu innowacji technologicznych, w poprawie jakości życia człowieka i w ochronie środowiska.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi badać i analizować sieci biologiczne za pomocą narzędzi biologicznych, matematycznych i statystycznych.
2. potrafi dyskutować krytycznie w grupie w stopniu umożliwiającym mu wzięcie udziału w otwartej debacie oxfordzkiej z udziałem studentów z innych kierunków studiów.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do diagnozowania i rozwiązywania problemów dotyczących funkcjonowania sieci ekologicznych, szczególnie tych o dużym znaczeniu dla poprawy jakości życia człowieka i w ochronie środowiska wspólnie z ekspertami z innych dziedzin.

**Treści programowe dla zajęć:**

Różnorodność sieci ekologicznych (różnorodność budowy, funkcji, sposobów komunikowania się organizmów w sieci i rodzaju wymienianej informacji) i ich porównanie do sieci internetowej (podobieństwa i różnice).

Teoria grafów i teoria małych światów do wyjaśniania ewolucyjnych sieci ekologicznych.

Metody, narzędzia i wskaźniki do opisu sieci ekologicznych interakcji.

Wykorzystanie sieci interakcji ekologicznych do tworzenia innowacji technologicznych, które poprawiają jakość życia człowieka oraz minimalizują negatywne koszty ingerencji człowieka w funkcjonowanie przyrody.

Przygotowanie debaty oxfordzkiej na wybrany temat przez studentów dotyczący wykorzystania sieci ekologicznych w celu zminimalizowania efektów związanych ze zmianami klimatycznymi.

Nazwa zajęć: **Struktura i funkcja cząsteczek biologicznych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie zależności pomiędzy strukturą a funkcją biologiczną białek, kwasów nukleinowych i innych cząsteczek chemicznych.

2. zna strukturę monomerów oraz hierarchę strukturalną kwasów nukleinowych i białek na poziomie molekularnym.

3. zna i rozumie kluczowe procesy metaboliczne oraz ich znaczenie biologiczne.

4. zna zasady działania metod stosowanych do badania właściwości cząsteczek biologicznych.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi stosować podstawowe techniki badawcze i wyjaśniać ich zastosowanie.

2. potrafi wnioskować na temat funkcji kwasów nukleinowych i białek w oparciu o analizę właściwości ich komponentów oraz ich struktury liniowej i przestrzennej.

3. potrafi wybrać metody badawcze odpowiednie do analizy właściwości różnych cząsteczek biologicznych.

4. potrafi krytycznie analizować wyniki i formułować wnioski w oparciu o otrzymane wyniki badań.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do przyjmowania aktywnej postawy w wyszukiwaniu informacji w źródłach literaturowych oraz interpretacji danych.

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawowe właściwości chemiczne i fizyczne cząsteczek biologicznych.

Struktura i właściwości chemiczne aminokwasów oraz struktura I, II i III-rzędowa białek.

Zależności pomiędzy strukturą a funkcją białek na przykładzie hemoglobiny oraz enzymów.

Struktura i właściwości chemiczne nukleotydów oraz struktura liniowa i przestrzenna DNA i RNA.

Zależności pomiędzy strukturą a funkcją DNA i RNA.

Budowa, funkcje biologiczne oraz metabolizm węglowodanów i tłuszczowców.

Szlaki i cykle metaboliczne powiązane z procesami oddychania komórkowego.

Procesy biosyntetyczne.

Nazwa zajęć: **Maszyny molekularne**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna w stopniu zaawansowanym zasady rządzące organizacją struktury przestrzennej kwasów rybonukleinowych i ich kompleksów z białkami.

2. zna w stopniu zaawansowanym mechanizmy działania maszyn molekularnych, takich jak rybosom, spliceosom, egzosom i innych, oraz ich rolę w procesach biologicznych.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wybrać odpowiednie metody biochemiczne oraz biofizyczne do badania struktur RNA oraz ich kompleksów z białkami.

2. potrafi wybrać odpowiednie metody biochemiczne oraz biofizyczne do badania stabilności termodynamicznej oraz kinetyki oddziaływań pomiędzy białkami a kwasami nukleinowymi.
3. potrafi zastosować odpowiednie oprogramowanie do analizy wyników eksperymentalnych dotyczących badania struktury oraz oddziaływań kompleksów RNA-białko, oraz dokonać krytycznej interpretacji tych wyników.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do samodzielnego poszukiwania informacji w źródłach literaturowych oraz ich krytycznej analizy.

**Treści programowe dla zajęć:**

Struktura przestrzenna kwasów nukleinowych oraz kompleksów nukleoproteinowych.

Mechanizm oraz funkcja biologiczna maszyn molekularnych, m.in. rybosomu, spliceosomu oraz egzozomu.

Zastosowania medyczne oraz biotechnologiczne maszyn molekularnych, oraz wiedzy na temat ich mechanizmów działania.

Metody biochemiczne oraz biofizyczne stosowane w badaniach struktury RNA oraz ich kompleksów z białkami.

Metody biochemiczne oraz biofizyczne stosowane do analizy stabilności termodynamicznej oraz kinetyki oddziaływań kwasów nukleinowych z białkami.

Metody znakowania i detekcji kwasów nukleinowych oraz białek przydatne w badaniach struktury i oddziaływań kwasów nukleinowych i białek.

**Nazwa zajęć: Teledetekcja i narzędzia GIS w pozyskiwaniu informacji przyrodniczej**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna ograniczenia wynikające z różnic w podejściu metodologicznym do analizy danych w postaci gotowych baz danych referencyjnych (m. in. BDOT, MPHP, VMapa) i tematycznych (m. in. CLC), a danych pozyskanych samodzielnie w oparciu o analizę materiałów teledetekcyjnych.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wyszukiwać i pozyskiwać dane teledetekcyjne (obrazy satelitarne i lotnicze, dane ze skaningu laserowego), zna możliwości ich zastosowania i ich ograniczenia. Zna zalety i ograniczenia pozyskiwania obrazów przy użyciu bezzałogowych statków powietrznych (UAV).

2. potrafi analizować i interpretować dane przyrodnicze uzyskane po przetworzeniu materiałów surowych (obrazy satelitarne, lotnicze i chmury punktów). Potrafi wizualizować efekty pracy w systemie GIS, tworzyć mapy tematyczne, podsumowania najważniejszych wyników i przekazywać je w sposób przystępny i zrozumiały.

3. potrafi przetwarzać dane teledetekcyjne w postaci obrazów lotniczych i satelitarnych wykorzystując specjalistyczne oprogramowanie. Umie obliczać wskaźnik roślinności NDVI. Potrafi pracować z danymi LiDAR tj. filtrować chmury punktów, zmieniać formaty zapisu, tworzyć modele DEM, DSM, nDSM, CHM.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do kontynuacji samodzielnego poszerzania wiedzy w zakresie metod teledetekcyjnych wraz z ich postępującym rozwojem i ich promowania w otoczeniu zawodowym.

**Treści programowe dla zajęć:**

Zdjęcia satelitarne i lotnicze jako źródła zdalnie pozyskiwanych danych o środowisku - podstawowe cechy, możliwości pozyskiwania danych zastosowanie, zalety i ograniczenia. Wykorzystanie bezzałogowych statków powietrznych (UAV) w pozyskiwaniu materiałów teledetekcyjnych.

Przygotowanie obrazów do klasyfikacji, korekta, usuwanie szumów.

Klasyfikacja nadzorowana i nienadzorowana obrazów satelitarnych.

Wizualizacja wyników analiz teledetekcyjnych, tworzenie map siedliskowych, pokrycia terenu, hipsometrii, ekspozycji stoków, spadków terenu, potencjału promieniowania słonecznego.

Skaning laserowy (LiDAR) jako źródło informacji o ukształtowaniu terenu i przestrzennej strukturze jego pokrycia. Sposób działania, możliwości, zalety i ograniczenia.

Analiza danych pozyskanych dzięki LiDAR w systemie GIS (filtracja danych, tworzenie modeli - Numerycznego Modelu Terenu (MNT), Numerycznego Modelu Pokrycia terenu (NMPT), Zróżnicowanego Numerycznego Modelu Pokrycia terenu (zNMPT) i Modelu Koron Drzew (CHM).

Modelowanie 3D informacji przestrzennej pozyskanej na bazie chmur punktów ze skanowania lotniczego.

**Nazwa zajęć: Badania wielkoskalowe w biologii molekularnej**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie różnice w budowie genomów różnych organizmów oraz mechanizmy ewolucyjne prowadzące do zróżnicowania na poziomie genomów
2. potrafi wymienić i rozumie podstawowe mechanizmy regulacji ekspresji genów
3. zna najczęściej wykorzystywane techniki wysokoprzepustowe stosowane w genomice, transkryptomice, proteomice i metagenomice i rozumie różnice pomiędzy poszczególnymi technikami

**w zakresie umiejętności:**

1. rozumie wyzwania związane z analizą różnego rodzaju danych uzyskanych z wykorzystaniem technik wysokoprzepustowych
2. potrafi wymienić przykłady zastosowania technik wysokoprzepustowych w badaniach biologicznych i biomedycznych oraz w diagnostyce medycznej
3. potrafi omówić zasady i etapy sekwencjonowania z wykorzystaniem sekwenatora Oxford Nanopore, wykonać sekwencjonowanie oraz przeprowadzić podstawową analizę uzyskanych danych

**Treści programowe dla zajęć:**

Budowa genomów wirusowych, prokariotycznych i eukariotycznych.

Podstawowe mechanizmy ewolucji genomów.

Elementy mobilne i ich rola w ewolucji genomów.

Geny - budowa i regulacja ekspresji.

Techniki sekwencjonowania drugiej i trzeciej generacji.

Sekwencjonowanie genomów; podejścia i wyzwania związane z ich składaniem.

Sekwencjonowanie transkryptomów i metody ich składania.

Metody wysokoprzepustowe w badaniach interakcji białko-DNA, metylacji, modyfikacji histonów.

Metody wysokoprzepustowe w badaniach specyficznych typów transkryptów (RIBO-seq, CLIP-seq, GRO-seq i inne).

Mikromacierze i ich wykorzystanie w badaniach genomów i transkryptomów.

Wykorzystanie wysokoprzepustowego sekwencjonowania w badaniach biomedycznych i diagnostyce.

Wysokoprzepustowe techniki wykorzystywane w badaniach proteomów.

Proteomika w badaniach biomedycznych.

Strategie w badaniach metagenomicznych.

Sekwencjonowanie metagenomów z wykorzystaniem sekwenatora Oxford Nanopore.

Analiza danych metagenomicznych.

Zastosowania metagenomiki w badaniach biologicznych, medycznych oraz diagnostyce.

Nazwa zajęć: **Wprowadzenie do systemu Linux**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna podstawy działania systemu operacyjnego Linux.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zainstalować i skonfigurować system operacyjny Linux do realizacji zadań bioinformatycznych.
2. potrafi wykorzystywać komendy i programy systemu Linux do pracy z danymi wykorzystywanymi w bioinformatyce.
3. potrafi uruchamiać, konfigurować i kontrolować zadania na klastrach obliczeniowych.

**Treści programowe dla zajęć:**

Instalacja i konfiguracja systemu LINUX, rozruch systemu, podstawowe usługi systemowe i sieciowe.

Obsługa systemu LINUX - Powłoka BASH, obsługa systemu pików, zmienne środowiskowe, std-in/std-out.

Obsługa systemu LINUX - Powłoka BASH, obsługa procesów, sygnały, łącza, potoki, filtry, skrypty

Instalacja i konfiguracja maszyny wirtualnej, instalacja systemu LINUX.

Instalacja modułów, instalacja oprogramowania ze źródeł, gcc, make, biblioteki linkowane statycznie i dynamicznie.

Wprowadzenie do funkcji systemowych - zarządzanie procesami.

Wprowadzenie do funkcji systemowych - zarządzanie systemem plików.

Wykorzystanie komend systemowych oraz podstawowych programów (oak, awk, rsync itp.) w bioinformatyce.

Obsługa klastrów obliczeniowych oraz ich wykorzystanie w bioinformatyce.

Nazwa zajęć: **Matematyka dyskretna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna elementy rachunku zdań oraz podstawowe operatory logiczne. Potrafi wykonać wartościowanie oraz zbadać wartość logiczną dowolnej formuły metodami wprost lub nie wprost. Zna i potrafi wykorzystać podstawowe techniki dowodzenia twierdzeń.
2. zna podstawowe działania na zbiorach i powiązać je z prawami rachunku zdań. Zna pojęcie iloczynu kartezyjskiego oraz elementy teorii relacji binarnych. Potrafi wykazać podstawowe cechy relacji. Potrafi dokonać rozkład zbioru na klasy abstrakcji przy zadanej relacji równoważności.
3. zna pojęcia odwzorowania, obrazu i przeciwobrazu oraz ich związek z relacją równoważności. Potrafi wykazać podstawowe cechy odwzorowań.
4. zna podstawowe twierdzenia (zasady) zliczania obiektów kombinatorycznych. Potrafi wykazać równoliczność zbiorów odpowiadających różnym schematom zliczania.
5. zna podstawowe pojęcia i twierdzenia teorii liczb. Zna podstawowe algorytmy i zastosować je w odniesieniu do prostych zagadnień.

**w zakresie umiejętności:**

1. Potrafi wykazać prawdziwość tautologii (praw rachunku zdań) dwiema metodami. Potrafi zweryfikować prawdziwość dowolnego zdania i wskazać warunki prawdziwości funkcji zdaniowej. Potrafi przeprowadzić dowody na podstawie zasady indukcji matematycznej.
2. Potrafi zweryfikować prawa rachunku zbiorów przez odwołanie się do praw rachunku zdań i przez konstrukcję diagramów Venna. Potrafi wykazać cechy relacji binarnych (także odwzorowań) i oraz wyznaczyć struktury z nimi związane (np. klasy abstrakcji).
3. Potrafi wskazać schemat wyboru w danym problemie zliczania. Potrafi zastosować podstawowe prawa dot. zliczania. Potrafi zastosować zasadę włączania-wyłączania w konkretnym problemie. Stosując zasadę indukcji matematycznej potrafi wykazać prawdziwość otrzymanych wzorów.
4. Potrafi dokonać rozkładu liczby na czynniki pierwsze, zastosować algorytm Euklidesa oraz wykorzystać w konkretnym przykładzie chińskie twierdzenie o resztach.

**Treści programowe dla zajęć:**

Zdanie, prawa rachunku zdań. Kwantyfikatory. Zasady dowodzenia twierdzeń. Indukcja matematyczna. Pojęcie zbioru i prawa rachunku zbiorów. Powiązanie z prawami rachunku zdań. Diagramy Venna. Iloczyn kartezyjski, relacje binarne, odwzorowania. Wyznaczanie klas abstrakcji, obrazów, przeciwobrazów.  
Podstawowe zasady zliczania obiektów kombinatorycznych, podstawowe schematy wyboru. Złożone schematy wyboru.  
Liczby pierwsze, rozkład liczby złożonej na czynniki. Podstawowe twierdzenia teorii liczb. Algorytm Euklidesa, chińskie twierdzenie o resztach, małe twierdzenie Fermata. Zastosowanie teorii liczb w kodowaniu i szyfrowaniu.

**Nazwa zajęć: Algorytmy i struktury danych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna podstawowe statyczne oraz dynamiczne struktury danych
2. zna podstawowe metody analizy złożoności czasowej i pamięciowej algorytmów
3. zna i rozumie pojęcie problemu NP-trudnego oraz jego konsekwencje

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zaimplementować wybrane algorytmy w języku Python
2. potrafi napisać pseudokod wybranych algorytmów

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawowe pojęcia i definicje: problem algorytmiczny; algorytm: budowa, własności, sposoby zapisu; operacje elementarne; typ danych; pseudokod i jego składowe: nagłówek, operacje wejścia/wyjścia, zdanie warunkowe, pętle sterowane licznikiem, pętle warunkowe; program, zasady testowania; maszyna Turinga; problemy nierozstrzygalne.

Algorytmy elementarne 1: zmienna, stała; algorytmy wykorzystujące jedynie zmienne i stałe: obliczanie pól i objętości; tablice jednowymiarowe; algorytmy wykorzystujące tablice jednowymiarowe: sumy i iloczyny składowych wektora, obliczanie potęgi, binarny algorytm obliczania potęgi, schemat Hornera obliczania wartości wielomianu w punkcie, wyszukiwanie w nieuporządkowanej tablicy, wyszukiwanie binarne; programowanie dynamiczne, liczby Fibonacciego.

Algorytmy elementarne 2: tablice dwuwymiarowe; algorytmy wykorzystujące tablice dwuwymiarowe: operacje na macierzach; algorytmy dokonywania obliczeń z zadaną dokładnością: algorytm Herona obliczania pierwiastka kwadratowego, obliczanie rozwinięcia dziesiętnego liczby e.

Funkcje i procedury: pojęcia makra i podprogramu; procedura: budowa, własności; funkcja: budowa, własności; parametry i argumenty funkcji oraz procedur, metody przekazywania argumentów: przez wartość, przez zmienną; zmienne lokalne i globalne.

Rekurencja i algorytmy rekurencyjne: rekurencja: warunek początkowy, równanie rekurencyjne, rząd rekurencji; przykłady definicji rekurencyjnych: silnia, największy wspólny dzielnik, współczynnik Newtona, liczby Fibonacciego; wady rekurencji: funkcja Ackermanna; graficzne zastosowania rekurencji: fraktale.

Algorytmy sortowania 1: notacja asymptotyczna; problem sortowania: definicja, sortowanie a relacja częściowego porządku; sortowanie przez wybieranie; sortowanie przez wstawianie; sortowanie bąbelkowe; przykład analizy algorytmu sortowania.

Algorytmy sortowania 2: technika 'dziel i zwyciężaj'; sortowanie przez scalanie; sortowanie szybkie; dolne oszacowanie złożoności problemu sortowania; sortowanie przez zliczanie.

Złożoność algorytmów: złożoność obliczeniowa i złożoność pamięciowa algorytmu; optymistyczna, średnia i pesymistyczna złożoność obliczeniowa algorytmu; algorytmy wielomianowe, pseudowielomianowe oraz wykładnicze; zasady analizy złożoności algorytmów; złożoność wybranych algorytmów i problemów.

Stosy, kolejki i listy: statyczne i dynamiczne struktury danych; wskaźniki i atrybuty; stos: budowa, podstawowe operacje; kolejka: budowa, podstawowe operacje; listy pojedynczo wiązane: budowa, podstawowe operacje; listy podwójnie wiązane: budowa, podstawowe operacje.

Struktury drzewiaste: drzewa, drzewa ukorzenione; drzewa uporządkowane; drzewo binarne: budowa, własności; drzewo BST: budowa, własności; metody przechodzenia drzewa BST: preorder, inorder, postorder; operacje na drzewie BST: wyszukiwanie, budowanie, wstawianie, usuwanie; implementacja słownika; drzewa RB jako ulepszenie BST (podstawowe informacje).

Kopce binarne, kolejki priorytetowe: kopiec binarny: definicja, budowa, kopiec typu max, kopiec typu min; operacje na kopcu binarnym; kolejka priorytetowa: definicja, budowa; operacje na kolejce priorytetowej; kolejka priorytetowa bazująca na kopcu binarnym vs na drzewie RB.

Algorytmy grafowe 1: grafy skierowane i nieskierowane; metody reprezentacji grafu: macierz sąsiedztwa, macierz incydencji, listy sąsiedztwa, listy krawędzi; listowe i drzewiaste struktury dla zbiorów rozłącznych, operacje na zbiorach rozłącznych; przeszukiwanie grafu: w głąb, wszerz; sortowanie topologiczne grafu.

Algorytmy grafowe 2: problem cyklu Eulera: definicja, twierdzenia Eulera, algorytm Fleury'ego; problem cyklu Hamiltona: definicja, złożoność; problem minimalnego drzewa rozpinającego: definicja, algorytm Prima, algorytm Kruskala; problem najkrótszych ścieżek z jednym źródłem, algorytmy Dijkstry i Bellmana-Forda.

Teoretyczne modele obliczeń: jednotaśmowa deterministyczna maszyna Turinga DTM: budowa, funkcja przejścia, przykład programu; funkcje nieobliczalne w sensie Turinga; klasa P problemów rozwiązywalnych w wielomianowym czasie przez DTM; wielotaśmowa deterministyczna maszyna Turinga; maszyna RAM: budowa, lista rozkazów, przykład programu; związki między modelami obliczeń; niedeterministyczna maszyna Turinga NDTM: budowa, definicja; klasa NP problemów rozwiązywalnych w wielomianowym czasie przez NDTM; związki między klasami P i NP, hipoteza  $P=?NP$ .

Problemy NP-trudne: problemy NP-zupełne, metodyka dowodzenia NP-zupełności; problem spełnialności wyrażeń boolowskich SAT; główne problemy NP-zupełne: problem 3-SAT, problem 3-wymiarowego skojarzenia, problem pokrycia wierzchołkowego, problem podziału zbioru, problem cyklu Hamiltona, problem klik, problem wędrującego komiwojażera; NP-zupełność a NP-trudność; konsekwencje NP-zupełności i NP-trudności.

Zaawansowane metody projektowania algorytmów: algorytmy zachłanne i algorytmy dynamiczne; przykłady algorytmów dynamicznych: problem najkrótszego wspólnego ciągu, problem optymalnego nawiasowania przy mnożeniu macierzy.

### Nazwa zajęć: **Ewolucja bioróżnorodności**

#### **Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie ewolucyjne przyczyny rozkwitu i wymierania grup organizmów, efekty wprowadzenia molekularnych technik określania rzeczywistego zakresu bioróżnorodności na Ziemi i realnego pokrewieństwa między głównymi liniami ewolucyjnymi zwierząt, roślin i grzybów.

#### **w zakresie umiejętności:**

1. potrafi opisać procesy ewolucyjne prowadzące do powstania komórki eukariotycznej oraz umie scharakteryzować budowę, strategię życiową i pokrewieństwa ewolucyjne Protista.

2. potrafi scharakteryzować budowę i cykle życiowe roślin nienaczyniowych oraz opisać na ich przykładzie pionierskie etapy ewolucji roślin lądowych.

3. potrafi scharakteryzować budowę, cykle życiowe, powiązania ewolucyjne oraz zasadnicze adaptacje, które zadecydowały o sukcesie ewolucyjnym współczesnych i wymarłych roślin naczyniowych na lądzie oraz opisać ich znaczenie dla człowieka.
4. potrafi opisać budowę, strategie życiowe, powiązania filogenetyczne oraz praktyczne znaczenie grzybów w medycynie, farmacji, rolnictwie i innych dziedzinach.
5. potrafi przedstawić główne koncepcje powstania zwierząt wielokomórkowych oraz potrafi wyjaśnić zasady współczesnej koncepcji powiązań ewolucyjnych niższych Metazoa i kładów Ecdysozoa i Lophotrochozoa oraz scharakteryzować ich budowę i cykle życiowe.
6. potrafi scharakteryzować budowę i biologię wtóroustych oraz wymienić zasadnicze adaptacje, które zadecydowały o sukcesie ewolucyjnym kręgowców na lądzie.
7. umie scharakteryzować najistotniejsze gatunki modelowe roślin, grzybów i zwierząt wykorzystywanych w bioinformatyce, biologii ewolucyjnej i innych naukach eksperymentalnych na tle reprezentowanej przez nie bioróżnorodności taksonomicznej i filogenetycznej.
8. potrafi opisać historię ewolucji organizmów eukariotycznych w całościowym ujęciu Tree of Life i wymienić kluczowe cechy, które definiują ich główne linie ewolucyjne kształtujące bioróżnorodność fauny i flory Ziemi obecnie i w przyszłości.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do skonfrontowania swej dotychczasowej wiedzy z alternatywnymi koncepcjami dotyczącymi ewolucji bioróżnorodności powstałymi na bazie współczesnych analiz filogenetycznych i filogenomicznych i wykazuje chęć do dyskusji z prowadzącym i pozostałymi studentami nad kwestiami spornymi lub niejasnymi dotyczącymi ewolucji bioróżnorodności.

**Treści programowe dla zajęć:**

Bioróżnorodność w ujęciu ewolucyjnym - kladogeneza i anageneza. Protisty, rośliny, grzyby i zwierzęta na tle trzech domen życia i współczesnych koncepcji struktury Drzewa Życia (Tree of Life i hipotezy alternatywne).

Różnorodność filogenetyczna, morfologiczna i ekologiczna glonów.

Różnorodność filogenetyczna, morfologiczna i ekologiczna mszaków, zarodnikowych roślin naczyniowych i roślin nasiennych.

Roślinność kuli ziemskiej.

Różnorodność filogenetyczna, morfologiczna i ekologiczna grzybów.

Budowa, cykle życiowe, pokrewieństwa ewolucyjne protistów zwierzęcych ("pierwotniaków").

Powstanie i główne plany budowy zwierząt wielokomórkowych (Metazoa).

Różnorodność filogenetyczna, morfologiczna i ekologiczna oraz ewolucja „niższych” Metazoa oraz „kładów molekularnych”: wylinkowców (Ecdysozoa) i lofotrochowców (Lophotrochozoa).

Różnorodność filogenetyczna, morfologiczna i ekologiczna wtóroustych (Deuterostomia): szkarłupni i strunowców.

Pozycja filogenetyczna gatunków modelowych roślin, grzybów i zwierząt wykorzystywanych na tle Drzewa Życia.

Nazwa zajęć: **Bioinformatyka w technikach biologii molekularnej**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie podstawy teoretyczne niezbędne do prawidłowej interpretacji wyniku eksperymentu, w tym proponuje możliwe rozwiązania w przypadku niepowodzenia eksperymentu.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wymienić i scharakteryzować podstawowe techniki biologii molekularnej (PCR, qPCR, RT-PCR, sekwencjonowanie i elektroforeza w sitach molekularnych).

2. potrafi zaprojektować i wykonać eksperyment amplifikacji i sekwencjonowania wybranych fragmentów DNA lub RNA, w tym dobrać odpowiednie składniki i warunki reakcji w celu uzyskania poprawnych wyników.

3. potrafi zaprojektować i wykonać eksperyment analizy ilościowej amplikonów, w tym dobrać odpowiednie składniki i warunki reakcji w celu uzyskania poprawnych wyników.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do oceny przydatności narzędzi bioinformatycznych w projektowaniu i analizie wyników eksperymentów molekularnych.

**Treści programowe dla zajęć:**

Technika PCR i jej odmiany (RT-PCR, qPCR, nested-PCR), projektowanie starterów uniwersalnych i specyficznych, wpływ składników i warunków reakcji na wydajność amplifikacji.

Technika qPCR i jego odmiany (digital PCR, emulsion-PCR), projektowanie starterów i sond, interpretacja powtórzeń technicznych, analiza ilościowa z wykorzystaniem krzywej standardowej lub wzorców liczby kopii targetu.

Sekwencjonowanie celowane amplikonów, projektowanie starterów fuzyjnych, analiza danych z sekwencjonowania NGS (filtrowanie ze względu na jakość, rozdzielenie na indeksy, normalizacja, OTU).

Odwrotna transkrypcja i analiza produktów splicingu, analiza ilościowa amplikonów znakowanych fluorescencyjnie.

Nazwa zajęć: **Bioinformatyka**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie umiejętności:**

1. potrafi poprawnie odczytać i przekształcić rekordy zawierające sekwencje biologiczne zapisane w różnych formatach
2. umie wymienić i scharakteryzować dostępne rodzaje oraz zasoby danych biologicznych.
3. potrafi dobierać właściwe narzędzia i strategie do analizy danych biologicznych.
4. potrafi prawidłowo przeprowadzić podstawą analizę funkcji i struktury sekwencji nukleotydowych i białkowych.
5. potrafi poprawnie przeprowadzić analizę relacji ewolucyjnych sekwencji oraz właściwie zinterpretować jej wyniki.

**Treści programowe dla zajęć:**

Przegląd publicznie dostępnych baz danych sekwencji biologicznych oraz technik opisu, wyszukiwania i pozyskiwania danych.

Przegląd formatów rekordów zapisu sekwencji biologicznych wraz z narzędziami obliczeniowymi wykorzystywanymi do ich przetwarzania.

Przegląd podstawowych narzędzi bioinformatycznych stosowanych do wyszukiwania i porównywania sekwencji oraz analiz filogenetycznych.

Podstawowe narzędzia do przewidywania funkcji sekwencji.

Podstawowe narzędzia i metody do określania struktury makrocząsteczek metodami obliczeniowymi.

Nazwa zajęć: **Język angielski A2**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie umiejętności:**

1. potrafi porozumiewać się w rutynowych, prostych sytuacjach komunikacyjnych, wymagających jedynie bezpośredniej wymiany zdań na tematy znane i typowe. Potrafi w prosty sposób opisywać swoje pochodzenie i otoczenie, w którym żyje, a także poruszać sprawy związane z najważniejszymi potrzebami życia codziennego.

**Treści programowe dla zajęć:**

Czasy gramatyczne potrzebne do wyrażania różnorodnych czynności osadzonych w czasie Present Simple and Present Continuous, Past Simple and Past Continuous, Present Perfect and Present Perfect Continuous, Past Perfect oraz czasach przyszłych na poziomie A2.

Inne struktury gramatyczne potrzebne do wyrażania różnorodnych treści i opinii (np. czasowniki modalne, przymiotniki, strona bierna, zdania warunkowe, mowa zależna) dla poziomu A2.

Słownictwo dotyczące życia codziennego oraz związane z bezpośrednim środowiskiem studenta (jedzenie, osobowość, podróże, zainteresowania, edukacja, zakupy, pieniądze, technologia, rodzina, studia, praca, technologia, podstawowe słownictwo związane z kierunkiem studiów).

Strategie efektywnego czytania w celu zrozumienia ogólnego sensu wypowiedzi; domyślanie się znaczenia nieznanymi słów.

Strategie efektywnego słuchania w celu zrozumienia ogólnego sensu wypowiedzi; domyślanie się znaczenia nieznanymi słów.

Wyrażanie różnorodnych funkcji językowych np. prośby, opisy, wyrażanie opinii, wyrażanie zgody, brak zgody, pytania o pozwolenie, skargi, itp.

Nazwa zajęć: **Biologia molekularna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna podstawowe pojęcia z zakresu biologii molekularnej i mechanizmów przepływu informacji genetycznej.
2. zna i rozumie różne procesy metaboliczne zachodzące w komórce z procesami przepływu informacji genetycznej.



3. zna kolejne poziomy regulacji ekspresji genów na poziomie komórkowym.
4. zna i rozumie zależności pomiędzy strukturą cząsteczek a ich funkcją.
5. rozumie rolę bioinformatyki w wyjaśnianiu budowy genomów i przewidywania struktury RNA i białek.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi swobodnie operować podstawowymi pojęciami z zakresu biologii molekularnej i mechanizmów przepływu informacji genetycznej.
2. potrafi kojarzyć różne procesy metaboliczne zachodzące w komórce z procesami przepływu informacji genetycznej.
3. potrafi wyjaśnić kolejne poziomy regulacji ekspresji genów na poziomie komórkowym.
4. potrafi posługiwać się podstawowymi technikami biologii molekularnej oraz interpretować uzyskane wyniki.
5. potrafi analizować przykładowe teksty biologii molekularnej, korzystać ze źródeł literatury, także w języku angielskim.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do swobodnego operowania podstawowymi pojęciami z zakresu biologii molekularnej i mechanizmów przepływu informacji genetycznej.
2. jest gotów/owa do kojarzenia różnych procesów metabolicznych zachodzących w komórce z procesami przepływu informacji genetycznej.
3. jest gotów/owa do wyjaśnienia kolejnych poziomów regulacji ekspresji genów na poziomie komórkowym.
4. jest gotów/owa do analizowania przykładowych tekstów biologii molekularnej, korzystania ze źródeł literatury, także w języku angielskim.

**Treści programowe dla zajęć:**

Budowa DNA i RNA (podstawowy budulec: składniki kwasów nukleinowych, nazewnictwo nukleotydów, budowa kwasów nukleinowych, znaczenie końców 5' i 3', długość RNA i DNA, struktura drugorzędowa i trzeciorzędowa DNA, metody izolacji genomowego i plazmidowego DNA).

Organizacja genomu (budowa genomu prokariotycznego, eukariotycznego, plazmidowego, bakteriofagów i wirusów DNA ssaków, genomów organellowych i genomów zbudowanych z RNA. Chromatyna- budowa i kondensacja).

RNA- cząsteczka o wielu funkcjach (struktura drugorzędowa i trzeciorzędowa RNA, rodzaje RNA i udział RNA w różnych procesach komórkowych, katalityczne właściwości RNA, rybozomy).

Od genu do białka (podstawowy dogmat biologii molekularnej. Kod genetyczny, rola modyfikowanych nukleotydów w odczytywaniu mRNA, odstępstwa od kodu genetycznego).

Budowa i funkcje białek (struktura I, II, III i IV rzędowa białek, budowa domenowa białek, przewidywanie struktury białek, funkcje białek, kompleksy makromolekularne, prawidłowe i błędne związanie się białek, analiza elektroforetyczna białek).

Replikacja DNA i dobudowa telomerów (sposób replikowania się DNA, polimerazy DNA, replikacja genomu bakteryjnego, jądrowego, replikacja genomów organellowych, replikacja drogą toczącego się koła. Telomery, telomeraza, rola telomerazy w replikowaniu jądrowego DNA, procesach starzenia i powstawania nowotworów).

Naprawa DNA (rodzaje mutacji i ich konsekwencje. Bezpośrednia naprawa uszkodzeń w DNA, naprawa przez wycięcie zasady, nukleotydu, naprawa błędnych sparowań, naprawa podwójnych pęknięć w DNA, choroby związane z uszkodzeniami systemów naprawy DNA).

Rekombinacja, konwersja genów i transpozycja (modele rekombinacji DNA, mechanizm rekombinacji, model i mechanizm konwersji genowej, transpozony i retrotranspozony, różne mechanizmy transpozycji, model retrotranspozycji. Choroby związane z aktywnością transpozozonów).

Transkrypcja u prokariotów (promotory genów, budowa polimerazy RNA, etapy transkrypcji, model aktywności operonu wg Jacoba i Monoda, regulacja aktywności operonu laktozowego. Podjednostki sigma. Sposób działania regulatorów transkrypcyjnych, kontrola ekspresji genów przez RNA: atenuacja, ryboprzełączniki).

Transkrypcja u eukariotów (polimerazy RNA, promotory rozpoznawane przez poszczególne polimerazy RNA, transkrypcja prowadzona przez polimerazę RNA II, mediator, elementy regulatorowe genów kodujących białka, czynniki transkrypcyjne, koaktywatory i korepresory transkrypcyjne. Regulacja stopnia kondensacji chromatyny i dostępność genów. Choroby związane z zaburzeniami transkrypcji).

Dojrzewanie RNA u eukariotów (etapy dojrzewania premRNA, pre-rRNA, pre-tRNA i pre-mikroRNA. Splicing, splicing alternatywny. Redagowanie RNA. Schorzenia wynikające z zaburzeń dojrzewania RNA).

Regulacja ekspresji genów u eukariotów przez cząsteczki RNA (interferencja RNA, mikroRNA jako potranskrypcyjne regulatory ekspresji genetycznej).

Translacja u prokariotów i eukariotów (budowa rybosomów i ich składanie. Syntetazy aminoacylo-tRNA, inicjacja, elongacja i terminacja translacji. Kontrola translacyjna i potranslacyjna. Choroby związane z zaburzeniami procesu translacji).

Kierowanie białek (kierowanie białek w bakteriach, kierowanie białek u eukariotów do różnych przedziałów komórkowych, sekrecja. Choroby związane z wadliwym kierowaniem białek).

Epigenetyka i monoalleliczna ekspresja genów (markery genetyczne, rodzicielskie piętno genomowe, inaktywacja chromosomu X, kontrola epigenetyczna transpozonów, wykluczenie alleliczne).

Podstawowe koncepcje technologii rekombinowanego DNA (definicja i podstawowe cele badawcze inżynierii genetycznej. Pojęcie klonu i klonowania. Ogólny schemat transgenezy. Enzymy modyfikujące cząsteczki DNA (nukleazy, ligazy, polimerazy) i wektory genetyczne. Podział i krótka charakterystyka enzymów restrykcyjnych. Ligacja DNA. Plazmidy. Definicja i cechy dobrego wektora genetycznego. Podział i przykłady wybranych wektorów genetycznych. Biblioteki genomowe. Nadekspresja białka, systemy nadekspresji).

Wybrane techniki eksperymentalne w biologii molekularnej i inżynierii genetycznej (mapowanie restrykcyjne fragmentów DNA, PCR, odwrotna transkrypcja, RT-PCR, przenoszenie DNA metodą Southerna, przenoszenie RNA metodą northern, test hybrydizacji- wykorzystanie i aspektypraktyczne, techniki ilościowe- PCR i RT-PCR w czasie rzeczywistym, mikromacierze i podstawy analiz mikromacierzowych).

Podstawowe techniki wprowadzania rekombinowanego DNA do organizmów roślinnych i zwierzęcych (metody transgenezy roślin. Plazmid Ti- budowa i jego wykorzystanie w systemie binarnym. T-DNA. Agrobacterium. Transformacja- sukcesy i porażki: co jest istotne? Wprowadzanie genów do komórek zwierzęcych- metodyka. Linie komórkowe. Terapia genowa in vivo i ex vivo. Komórki pnia i ich zastosowanie w inżynierii genetycznej i medycynie).

Organizmy modyfikowane genetycznie w badaniach podstawowych i zastosowania praktyczne [badania biotechnologiczne i ich podział (biotechnologia czerwona, zielona, biała). Biotechnologiczny cel badawczy. Przemysł biotechnologiczny. Przykłady roślinnych i zwierzęcych organizmów modyfikowanych genetycznie. Etyka biotechnologiczna. Patentowalność odkrycia biotechnologicznego. Biotechnologia w Polsce i na świecie- współczesne wyzwania i przykłady.

Genomika, proteomika, metabolomika i interaktomika [metody genotypowania DNA z uwzględnieniem PCR. Genomika i początki postgenomiki- wiek "omik", projekty poznania genomów różnych organizmów żywych (w tym człowieka). Sekwencjonowanie DNA i RNA z wykorzystaniem metod wysokoprzepustowych. Metody analiz proteomów (w tym wybrane metody elektroforetyczne), białka markerowe. Identyfikacja białek. Wybrane metody analiz metabolomicznych i interaktomicznych (na przykładzie analizy sieci oddziaływań białko- białko).

Zasady bezpieczeństwa i higieny pracy w laboratorium. Podstawowe zasady udzielania pierwszej pomocy podczas wypadków w laboratorium.

Nazwa zajęć: **Kompresja danych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. rozumie podstawowe pojęcia związane z kompresją danych i teorią informacji.
2. rozumie ideę słownikowych algorytmów kompresji i potrafi podać ich przykłady.
3. zna zagadnienie kodowania predykcyjnego i potrafi podać przykłady algorytmów.
4. zna miary kompresji stratnej i potrafi je stosować.
5. rozumie potrzebę stosowania i zna przykładowe algorytmy kwantyzacji skalarnej i wektorowej.
6. rozumie ideę kodowania różnicowego i korzyści z niej wynikające.
7. zna ideę transformat wykorzystywanych w kompresji i potrafi zaprezentować niektóre.
8. zna ideę schematów analiza synteza.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi skonstruować kody Huffmana, Golomba, Rice'a, Tunstall'a dla podanych danych.
2. potrafi wygenerować znacznik w kodowaniu arytmetycznym oraz wykazać jego jednoznaczność.
3. potrafi wykorzystywać transformaty do kompresji danych (kodowanie podpasmowe).

**Treści programowe dla zajęć:**

Wprowadzenie i podstawowe pojęcia.

Kodowanie Huffmana. Kody Rice'a, Tunstall'a, Golomba.

Idea kodowania słownikowego na przykładzie wybranych algorytmów, kodowanie arytmetyczne, kodowanie predykcyjne (transformata BWT).

Podstawy kompresji stratnej - stosowane miary, entropia warunkowa, modele.

Kwantyzacja skalarna i wektorowa.

Kodowanie różnicowe.

Transformaty.  
Kodowanie wykorzystujące transformaty.  
Schematy typu analiza-synteza.

Nazwa zajęć: **Wykłady eksperckie**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna najnowsze osiągnięcia światowej nauki w zakresie biologii oraz bioinformatyki
2. zna i rozumie zasady prowadzenia badań naukowych

**w zakresie umiejętności:**

1. zna i potrafi stosować zasady prowadzenia dyskusji naukowej

**Treści programowe dla zajęć:**

Wykłady naukowe wygłaszane przez zaproszonych naukowców z Polski i z zagranicy o tematyce z zakresu biologii molekularnej i bioinformatyki

Nazwa zajęć: **Mechanizmy epigenetyczne w etiologii chorób człowieka**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie mechanizmy epigenetyczne ich wpływ na końcowy poziom ekspresji genów
2. zna udział mechanizmów epigenetycznych w piętnowaniu genomowym oraz w blokowaniu aktywności chromosomu X.
3. wie w jaki sposób czynniki środowiskowe wpływają poprzez mechanizmy epigenetyczne na fenotyp organizmu
4. zna powiązania genetyczne i epigenetyczne będące podłożem dla wybranych chorób u ludzi
5. zna formy terapii epigenetycznych dla wybranych chorób człowieka: wykorzystanie iPS oraz epiterapii

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi korzystać ze źródeł literaturowych, w tym angielskojęzycznych i na ich podstawie potrafi opracować wybrane zagadnienia
2. potrafi przygotować i prezentować wystąpienie ustne
3. potrafi brać udział w dyskusji naukowej na wybrany temat

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do dzielenia się nabytą wiedzą, jak i do ciągłego pogłębiania jej
2. jest gotów/owa do krytycznego interpretowania informacji pojawiających się w mediach

**Treści programowe dla zajęć:**

Epigenetyka - wprowadzenie (budowa chromatyny, porównanie dziedziczenia genetycznego i epigenetycznego).

Mechanizmy epigenetyczne działające na poziomie chromatyny: modyfikacje DNA, histonów, remodelatory chromatyny, lncRNA.

Mechanizmy epigenetyczne działające potranskrypcyjnie: RNAi

Zjawiska o oparte o mechanizmy epigenetyczne: piętnowanie genomowe, inaktywacja chromosomu X

Role czynników środowiskowych w epigenetyce chorób człowieka. Mechanizmy epigenetyczne związane ze starzeniem się organizmu.

Podłoże epigenetyczne w rozwoju przykładowych chorób: raka, cukrzycy (pamięć metaboliczna), chorób neurodegeneracyjnych, alkoholowego zespołu płodowego

Epigenetyczne powiązanie między mikrobiomem jelitowym a otyłością i cukrzycą.

Zmiany epigenetyczne podczas cyklu komórkowego.

Wzajemna regulacja między modyfikacjami epigenetycznymi i zegarem okołodobowym a rozwojem raka

Epigenetyka i jej implikacje w terapii z użyciem komórek macierzystych, iPS (indukowanych komórek pluripotencjalnych), epiterapii np. zastosowania inhibitorów DNA metylotransferaz, inhibitorów deacetylaz histonowych)

Nazwa zajęć: **Genetyka cech wielogenowych u człowieka**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna genetyczne zasady dziedziczenia cech jakościowych i ilościowych i ich powiązania z konkretnymi zjawiskami obserwowanymi w przyrodzie
2. wie jak odróżnić cechę dziedziczną wielogenowo od cechy wieloczynnikowej
3. rozumie na czym polega progowy model dziedziczenia

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi dobrać odpowiednie metody statystyczne do opisu i oszacowania cech wielogenowych jak: mapowanie loci QTL, analiza sprzężeń, analiza asocjacji, metoda GWAS.
2. potrafi wskazać przykłady cech ilościowych, jakościowych wielogenowych oraz wieloczynnikowych zarówno fizycznych, jak i psychicznych u człowieka i opisać sposób ich dziedziczenia
3. potrafi wskazać i opisać przyczyny chorób genetycznych związanych z cechami wielogenowymi i wieloczynnikowymi
4. potrafi zwięźle opisać stan wiedzy o najnowszych osiągnięciach z zakresu genetyki cech wieloczynnikowych, wykazując krytycyzm wobec uzyskanych informacji

**Treści programowe dla zajęć:**

Pojęcia zmienności genetycznej, jej źródła i rodzaje oraz składowe zmienności fenotypowej.  
Rodzaje cech: ilościowe, jakościowe, wielogenowe i wieloczynnikowe. Wpływ środowiska na wykształcenie się cech wieloczynnikowych.  
Progowy model dziedziczenia wieloczynnikowego.  
Pojęcie odziedziczalności i metody jej oszacowania: badania bliźniąt, badania adopcyjne i łączone. Współczynniki pokrewieństwa i wsobności.  
Mapowanie loci ilościowych (QTL) u człowieka, analiza sprzężeń, powiązania GWAS – (ang. Genome Wide Association Studies).  
Przykłady cech wielogenowych i wieloczynnikowych ilościowych (wzrost, kolor skóry, ogólne zdolności poznawcze, osobowość itd.) i jakościowych (barwa oczu, płeć) u człowieka.  
Przykłady chorób i wad wrodzonych wielogenowych i wieloczynnikowych zarówno fizycznych, jak i psychicznych u człowieka ( m.in. wady cewy nerwowej, zespoły otępienia, MHC i choroby autoimmunologiczne, schizofrenia, choroba dwubiegunowa).

**Nazwa zajęć: Wprowadzenie do Biogospodarki**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie znaczenie pojęcia oraz główne obszary sektora biogospodarki

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi określić szanse i zagrożenia dla rozwoju sektora biogospodarki w Polsce
2. potrafi opisać perspektywę rozwoju zawodowego w różnych obszarach biogospodarki

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/gotowa do krytycznego skonfrontowania własnego wyobrażenia o pracy zawodowej z rzeczywistymi sytuacjami życia codziennego i biogospodarką

**Treści programowe dla zajęć:**

Biogospodarka - definicja pojęcia i podstawowe informacje.  
Szanse i zagrożenia polskiej biogospodarki.  
Cykl spotkań z przedstawicielami różnych gałęzi biogospodarki, z dużych i małych firm, z zakładów przemysłowych, instytucji naukowych i inkubatorów przedsiębiorczości.

**Nazwa zajęć: Praktyki zawodowe**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna obowiązujące w zakładzie pracy przepisy i regulacji, m.in. BHP i ochrony przeciwpożarowej

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zastosować wiedzę kierunkową w realizacji powierzonego mu zadania w zakładzie pracy.
2. analizuje dane uzyskane w trakcie realizacji zadania powierzonego w zakładzie pracy i wysuwa na ich podstawie wnioski.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotowy/a stale poszerzać wiedzę i umiejętności zawodowe zgodnie z zadaniami powierzonymi mu do realizacji.
2. jest gotowy/a wykonywać powierzone zadania w zgodzie z obowiązującymi przepisami prawa, regulaminem zakładu pracy, zasadami BHP i ochrony przeciwpożarowej.
3. jest gotowy/a twórczo i przedsiębiorczo odnaleźć się na rynku pracy.

**Treści programowe dla zajęć:**

Przedstawienie zakresu działalności zakładu pracy i organizacji wykonywanych zadań, wykorzystujących wiedzę i umiejętności nabyte w trakcie studiów na kierunku Bioinformatyka.  
Uwarunkowania prawne oraz zasady BHP i ochrony przeciwpożarowej jako podstawowe ramy prawne w pracy zawodowej.  
Poszerzanie wiedzy i podnoszenie kwalifikacji zawodowych w ramach realizacji przydzielonych zadań.

Odpowiedzialność za prace własną i członków zespołu a role przyjmowane w realizacji zadania: jako lider zespołu oraz jego członek.

**Nazwa zajęć: Pracownia licencjacka - Bioinformatyka sekwencji**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. potrafi umiejscowić tematykę pracy licencjackiej w kontekście ogólnej wiedzy biologicznej
2. potrafi, w oparciu o dostępne źródła, określić stan wiedzy dotyczący tematyki pracy licencjackiej oraz wskazać najważniejsze osiągnięcia i problemy badawcze studiowanej dziedziny
3. w przypadku pracy badawczej, potrafi wykonywać zadania badawcze i dobrać odpowiednie narzędzia bioinformatyczne do ich realizacji
4. posiada ugruntowaną wiedzę z zakresu bioinformatyki sekwencji

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi stawiać pytania, identyfikować i analizować problemy badawcze oraz weryfikować hipotezy badawcze pod kierunkiem opiekuna naukowego
2. potrafi poprawnie pod względem formalnym, merytorycznym i edytorskim napisać pracę licencjacką pod kierunkiem opiekuna naukowego umiejętnie wykorzystując źródła literaturowe i respektując prawa autorskie

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów do konsultacji z opiekunem naukowym oraz do odpowiedzialnej i rzetelnej realizacji kolejnych etapów pracy licencjackiej

**Treści programowe dla zajęć:**

Dobór i analiza materiałów źródłowych poszerzających wiedzę na temat podstawowych problemów i metod badawczych związanych z tematyką pracy licencjackiej

Metody zbierania literatury i materiałów źródłowych; analiza i interpretacja tekstów naukowych, danych statystycznych i materiałów; stawianie hipotez badawczych i sposoby rozwiązywania określonych w pracy licencjackiej problemów badawczych.

Umiejętność korzystania z narzędzi bioinformatycznych stosowanych w trakcie realizacji prac licencjackich.

Zasady poprawnej edycji tekstu naukowego, wykonywania i zamieszczania rysunków i tabel, omówienie zasad tworzenia konspektu pracy oraz poszczególnych etapów jej realizacji, systematyczne przedstawianie kolejnych etapów pisania pracy.

**Nazwa zajęć: Pracownia licencjacka - Bioinformatyka strukturalna i biologia systemów**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. potrafi umiejscowić tematykę pracy licencjackiej w kontekście ogólnej wiedzy biologicznej
2. potrafi, w oparciu o dostępne źródła, określić stan wiedzy dotyczący tematyki pracy licencjackiej oraz wskazać najważniejsze osiągnięcia i problemy badawcze studiowanej dziedziny
3. w przypadku pracy badawczej, potrafi wykonywać zadania badawcze i dobrać odpowiednie narzędzia bioinformatyczne do ich realizacji
4. posiada ugruntowaną wiedzę z zakresu bioinformatyki strukturalnej i biologii systemów

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi stawiać pytania, identyfikować i analizować problemy badawcze oraz weryfikować hipotezy badawcze pod kierunkiem opiekuna naukowego
2. potrafi poprawnie pod względem formalnym, merytorycznym i edytorskim napisać pracę licencjacką pod kierunkiem opiekuna naukowego umiejętnie wykorzystując źródła literaturowe i respektując prawa autorskie

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów do konsultacji z opiekunem naukowym oraz do odpowiedzialnej i rzetelnej realizacji kolejnych etapów pracy licencjackiej

**Treści programowe dla zajęć:**

Dobór i analiza materiałów źródłowych poszerzających wiedzę na temat podstawowych problemów i metod badawczych związanych z tematyką pracy licencjackiej

Metody zbierania literatury i materiałów źródłowych; analiza i interpretacja tekstów naukowych, danych statystycznych i materiałów; stawianie hipotez badawczych i sposoby rozwiązywania określonych w pracy licencjackiej problemów badawczych.

Umiejętność korzystania z narzędzi bioinformatycznych stosowanych w trakcie realizacji prac licencjackich.

Zasady poprawnej edycji tekstu naukowego, wykonywania i zamieszczania rysunków i tabel, omówienie zasad tworzenia konspektu pracy oraz poszczególnych etapów jej realizacji, systematyczne przedstawianie kolejnych etapów pisania pracy.

**Nazwa zajęć: Seminarium licencjackie - Bioinformatyka strukturalna i systemowa**  
**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**  
**w zakresie wiedzy:**

1. potrafi zdefiniować problem badawczy będący przedmiotem przygotowywanej pracy licencjackiej

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zaprezentować główne tezy i etapy realizacji pracy licencjackiej w formie prezentacji multimedialnej

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. potrafi korzystać ze źródeł literaturowych koniecznych dla przygotowania opracowania literaturowego i dyskusji wyników

2. jest gotów do korzystania ze źródeł z poszanowaniem praw autorskich

**Treści programowe dla zajęć:**

Przegląd literatury światowej z zakresu wybranych zagadnień związanych z bioinformatyką strukturalną i biologią systemów.

Prezentacja tematyki prac licencjackich w kontekście aktualnej wiedzy i zdefiniowanie własnego problemu badawczego.

Prezentacja sposobów realizacji i dyskusja wyników badań realizowanych w ramach prac licencjackich. Omówienie zasad przygotowywania pracy licencjackiej. Tworzenie konspektu pracy przeglądowej, badawczej lub koncepcyjnej. Planowanie poszczególnych etapów jej realizacji. Omówienie struktury pracy licencjackiej, podziału treści, kolejności rozdziałów oraz zasad odwoływania się do źródeł i cytowania.

Podstawy skutecznego wyszukiwania informacji naukowych.

**Nazwa zajęć: Genomika populacyjna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**  
**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie znaczenie genomiki w badaniach populacyjnych nad zrozumieniem genetycznych podstaw zróżnicowania taksonów oraz praktycznego wykorzystania wyników badań

2. zna podstawową terminologię i metodologię wykorzystywaną w genomice populacyjnej

3. zna i rozumie znaczenie badań z zakresu genomiki w analizie procesów demograficznych i ewolucyjnych oraz w aspekcie ochrony i wykorzystania zasobów genowych w populacjach

4. zna procesy mające wpływ na poziom polimorfizmu rejonów genomowych i metody analityczne stosowane w badaniach genetycznych podstaw zmienności adaptacyjnej organizmów

5. zna techniki komputerowej analizy i wykorzystania danych z zakresu genomiki porównawczej na poziomie populacji

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wyjaśnić znaczenie genomiki w badaniach populacyjnych nad zrozumieniem genetycznych podstaw zróżnicowania taksonów oraz praktycznego wykorzystania wyników badań

2. potrafi wykorzystać dane biologiczne w aspekcie działań z zakresu ochrony i gospodarowania zasobami genowymi w populacjach

3. potrafi wykorzystać dane z sekwencji genomowych w badaniach zmienności adaptacyjnej roślin i zwierząt

4. potrafi zastosować techniki komputerowej analizy danych z zakresu genomiki porównawczej na poziomie populacji

5. potrafi wyjaśnić znaczenie genomiki w badaniach populacyjnych

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do wykorzystania wiedzy i umiejętności praktycznych z zakresu genomiki populacyjnej do opisu zjawisk i podejmowania działań związanych z zarządzaniem zasobami przyrody

**Treści programowe dla zajęć:**

Znaczenie, rola i zastosowanie genomiki w badaniach nad zróżnicowaniem genetycznym taksonów.

Genomika porównawcza; czynniki i procesy mające wpływ na zmienność genetyczną populacji.

Wykorzystanie baz danych, technik i metod analitycznych genomiki populacyjnej w badaniach podstawowych i zastosowaniach aplikacyjnych z zakresu ochrony i wykorzystania zasobów genowych w populacjach.

Modelowe organizmy w genomice populacyjnej.

Narzędzia i metody stosowane w genomice ewolucyjnej w badaniach na poziomie populacji.

Praktyczne aplikacje wyników badań z zakresu genomiki populacyjnej.

Nazwa zajęć: **Seminarium licencjackie - Bioinformatyka sekwencji**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. potrafi zdefiniować problem badawczy będący przedmiotem przygotowywanej pracy licencjackiej

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zaprezentować główne tezy i etapy realizacji pracy licencjackiej w formie prezentacji multimedialnej

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. potrafi korzystać ze źródeł literaturowych koniecznych dla przygotowania opracowania literaturowego i dyskusji wyników

2. jest gotów do korzystania ze źródeł z poszanowaniem praw autorskich

**Treści programowe dla zajęć:**

Przegląd literatury światowej z zakresu wybranych zagadnień związanych z bioinformatyczną analizą sekwencji biologicznych

Prezentacja tematyki prac licencjackich w kontekście aktualnej wiedzy i zdefiniowanie własnego problemu badawczego.

Prezentacja sposobów realizacji i dyskusja wyników badań realizowanych w ramach prac licencjackich.

Omówienie zasad przygotowywania pracy licencjackiej. Tworzenie konspektu pracy przeglądowej, badawczej lub koncepcyjnej. Planowanie poszczególnych etapów jej realizacji. Omówienie struktury pracy licencjackiej, podziału treści, kolejności rozdziałów. - zasady odwoływania się do źródeł i cytowania.

Podstawy skutecznego wyszukiwania informacji naukowych.

Nazwa zajęć: **Bioetyka**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie podstawy bioetyki, etyki medycznej, etyki biotechnologii i bioprawa.

2. zna i rozumie podstawy etyki badań naukowych.

3. zna i rozumie regulacje normatywne w zakresie badań z udziałem ludzi.

4. zna i rozumie regulacje normatywne w zakresie prowadzenia eksperymentów na zwierzętach.

5. zna i rozumie przykładowe kazusy i dylematy badacza.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi samodzielnie przygotować etycznie i prawnie bezpieczny/odpowiedzialny projekt badawczy.

2. potrafi posługiwać się normami i teleologią właściwą dla swojej przyszłej profesji (europejski kodeks etyczny biotechnologa).

3. potrafi samodzielnie sformułować 'ethical statement'.

4. potrafi samodzielnie sformułować oświadczenie o konflikcie interesów.

5. potrafi samodzielnie sformułować data management statement.

6. potrafi zadbać o etyczne i prawne bezpieczeństwo człowieka lub zwierzęcia jako uczestnika badań naukowych.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów do planowania i prowadzenia etycznie, prawnie, bio- i socjo-środowiskowo, ekonomicznie odpowiedzialnych badań naukowych.

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawy bioetyki, etyki medycznej, etyki biotechnologii i bioprawa (aksjologia).

Podstawy etyki badań naukowych.

Normy i procedury w badaniach z udziałem ludzi.

Normy i procedury w eksperymentach na zwierzętach; pozostałe ryzykowne badania i eksperymenty.

Kazusy i dylematy badacza.

Od rzetelności badawczej (research integrity) do etycznie i prawnie bezpiecznych i odpowiedzialnych badań. Wniosek do komisji bioetycznej.

Europejski kodeks etyczny biotechnologa.

Treść i funkcja 'ethical statement'.

Konflikt interesów.

Data management statement.

Etyczne i prawne bezpieczeństwo człowieka lub zwierzęcia jako uczestnika badań naukowych.

Nazwa zajęć: **Prezentacja i wizualizacja danych w R**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie umiejętności:**

1. potrafi tworzyć raporty i interaktywne aplikacje webowe przy pomocy języka R.
2. umie tworzyć interaktywne raporty przy pomocy środowiska Tableau oraz Tableau z R.
3. potrafi samodzielnie przygotować raport w oparciu o dane dotyczące wybranej tematyki, np. wyników realizacji projektu bioinformatycznego.

**Treści programowe dla zajęć:**

Wprowadzenie do programowania w języku R (m.in. biblioteki dplyr, tibble, ggplot2).

Praca ze środowiskiem Tableau: interfejs oraz dystrybucja i publikowanie pracy; integracja z R.

Przygotowanie raportu w oparciu o dane w wybranej tematyce.

Nazwa zajęć: **Symulacja procesów biologicznych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna metody symulacyjne wykorzystywane do analizy systemów złożonych w biologii i dziedzinach pokrewnych

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zinterpretować wyniki analizy modelu biologicznego z wykorzystaniem przebiegu czasowego i portretu fazowego oraz analizy bifurkacji, posługując się właściwą terminologią
2. potrafi wykorzystać metody analizy sieci złożonych dla badania modelu procesu biologicznego

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do pracy w między- i transdziedzinowym zespole z ekspertami o zróżnicowanej wiedzy biologicznej (w tym specjalistami z zakresu nauk społecznych czy matematycznych)

**Treści programowe dla zajęć:**

Narzędzia obliczeniowe i bazy danych modeli wykorzystywane w badaniach symulacyjnych w biologii.

Układy dynamiczne.

Sieci złożone.

Praktyczne wykorzystanie oprogramowania i bazy danych w badaniach symulacyjnych, wykorzystanie specjalistycznej literatury naukowej, baz danych biologicznych.