

KARTA PRZEDMIOTU NA STUDIACH PODYPLOMOWYCH

Nazwa przedmiotu w języku	polskim	<i>NGS część III: in silico</i> <i>NGS part 3rd: in silico</i>
	angielskim	
Nazwa studiów podyplomowych		Bioinformatyka i biostatystyka w biologii i medycynie
Forma kształcenia		Studia podyplomowe
Osoba przygotowująca kartę przedmiotu		dr Michał Seweryn, Dr Dominik Strapagiel, profesor uczelni,
Kontakt		dominik.strapagiel@biol.uni.lodz.pl

1. OGÓLNA CHARAKTERYSTYKA PRZEDMIOTU

1.1. Język wykładowy	Polski / angielski
1.2. Wymagania wstępne	Podstawowa znajomość środowisk Linux, conda i jupyter; podstawowa wiedza z zakresu genetyki, genetyki człowieka i mikrobiologii.

2. SZCZEGÓŁOWA CHARAKTERYSTYKA PRZEDMIOTU

2.1. Forma zajęć	Warsztaty	
2.2. Miejsce realizacji zajęć	Collegium Medicum – praca zdalna w czasie rzeczywistym	
2.3. Forma zaliczenia zajęć	Projekt zaliczeniowy	
2.4. Metody dydaktyczne	Dyskusja, seminarium, pracownia,	
2.5. Wykaz literatury	podstawowa	Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood, Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Wydawnictwo Naukowe PWN Frans J. de Bruijn, Handbook of Molecular Microbial Ecology I: Metagenomics and Complementary Approaches, Wiley-Blackwell
	uzupełniająca	Frans J. de Bruijn, Handbook of Molecular Microbial Ecology II: Metagenomics in Different Habitats, Wiley-Blackwell Andreas D. Baxevanis (Editor), Gary D. Bader (Editor), David S. Wishart (Editor), Bioinformatics, 4 th Edition, Wiley

3. CELE, TREŚCI I EFEKTY UCZENIA SIĘ

<p>3.1. Cele przedmiotu (z uwzględnieniem formy zajęć) Warsztaty: <i>C1. Zapoznanie słuchacza z podstawowymi metodami kontroli jakości i przetwarzania wstępnego danych z sekwencjonowania NGS</i> <i>C2. Zrozumienie formatów wejścia (zapytań) oraz wyjścia (raportu) w bazach danych biologicznych stosowanych w analizie NGS. Wytwarzanie własnych baz danych dostosowanych do konkretnego projektu.</i> <i>C3. Stosowanie podstawowych narzędzi bioinformatycznych: QIIME2, BWA, STAR, GATK, HISAT do analizy danych z NGS</i> <i>C4. Znajomość formatów danych wsadowych oraz formatów wyników w omawianych ścieżkach analitycznych</i> <i>C5. Prezentowanie wyników analiz w standardowych formatach z zachowaniem odpowiedniej struktury</i> <i>C6. Interpretacja uzyskanych wyników w kontekście projektu badania</i></p>
<p>3.2. Treści programowe (z uwzględnieniem formy zajęć) Wykłady: Analiza danych sekwencjonowania NGS, obróbka danych z wykorzystaniem oprogramowania na system LINUX, raportowanie wyników, wizualizacja danych. Analiza sekwencjonowania całogenomowego oraz egzomowego.</p>

3.3. Przedmiotowe efekty uczenia się

Efekt	Uczestnik, który zaliczył przedmiot	Odniesienie do efektów uczenia się określonych w programie studiów podyplomowych
w zakresie WIEDZY:		
W01	Metodologię badań naukowych oraz narzędzia bioinformatyczne i biostatystyczne do analizy uzyskanych wyników badań, w szczególności dotyczących technik sekwencjonowania	BB_W08
W02	Podstawy użytkowania programów specjalistycznych w systemie Linux i na platformie qiime2, bwa, star, gatk	BB_W09
W03	Bazy danych biologicznych oraz metody ich przetwarzania	BB_W10
w zakresie UMIEJĘTNOŚCI:		
U01	Wykorzystywać terminologię z zakresu genetyki molekularnej, bioinformatyki i biostatystyki w pracy laboratoryjnej i opracowaniu danych	BB_U01
U02	Dobierać odpowiednie techniki biologii molekularnej w zależności od ich praktycznego zastosowania	BB_U02
U03	Przeszukiwać bazy danych biologicznych, w szczególności dotyczących sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych oraz samodzielnie je analizować	BB_U05
U04	Analizować i interpretować dane wielkoformatowe z zastosowaniem specjalistycznych narzędzi bioinformatycznych	BB_U06
U05	Przeprowadzić analizę danych biologicznych z wykorzystaniem specjalistycznych pakietów oprogramowania oraz serwisów internetowych dedykowanych zastosowaniom bioinformatycznym	BB_U07
U06	Pracować w systemie Linux i na platformie qiime2, bwa, star, gatk	BB_U08
w zakresie KOMPETENCJI SPOŁECZNYCH:		
K01	Przestrzegania zasad etyki zawodowej i reguł obowiązujących w pracy o charakterze badawczo-rozwojowym	BB_K01
K02	Samodzielnej i zespołowej pracy	BB_K02
K03	Samodzielnego pogłębiania wiedzy i krytycznej oceny źródeł informacji naukowych	BB_K03

3.4. Sposoby weryfikacji osiągnięcia przedmiotowych efektów uczenia się

Efekty przedmiotowe (symbol)	Sposób weryfikacji (+/-)																				
	Egzamin pisemny*			Egzamin praktyczny*			Odpowiedź ustna			Kolokwium*			Projekt *			Raport*			Realizacja zadania		
	Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć			Forma zajęć		
	W	C	S	W	C	S	W	C	S	W	C	S	W	C	S	W	C	S	W	C	S
W01							X														
W02							X														
W03							X														
U01													X								
U02													X								
U03													X								
U04													X								
U05													X								
U06													X								
K01																X					X
K02																X					
K03							X														

*niepotrzebne usunąć

3.5 Kryteria oceny stopnia osiągnięcia efektów uczenia się		
Forma zajęć	Ocena	Kryterium oceny
	3	61% - 68% zaliczenie wymagań prowadzącego zajęcia
	3,5	69% - 76% zaliczenie wymagań prowadzącego zajęcia
	4	77% - 84% zaliczenie wymagań prowadzącego zajęcia
	4,5	85% - 92% zaliczenie wymagań prowadzącego zajęcia
	5	93% - 100% zaliczenie wymagań prowadzącego zajęcia

4. BILANS PUNKTÓW ECTS – NAKŁAD PRACY UCZESTNIKA

Kategoria	Obciążenie uczestnika
LICZBA GODZIN REALIZOWANYCH PRZY BEZPOŚREDNIM UDZIALE NAUCZYCIELA /GODZINY KONTAKTOWE/	50
Udział w warsztatach	50
SAMODZIELNA PRACA UCZESTNIKA /GODZINY NIEKONTAKTOWE/	100
Przygotowanie do warsztatów*	60
Przygotowanie projektu*	40
ŁĄCZNA LICZBA GODZIN	150
PUNKTY ECTS za przedmiot	6

*niepotrzebne usunąć

Przyjmuję do realizacji (data i czytelne podpisy osób prowadzących przedmiot w danym roku akademickim)

.....