

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Biologia systemów, PG_00154707						
Kierunek studiów	Biologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2024/2025		
Poziom kształcenia	II stopnia		Grupa zajęć		Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	1		Język wykładowy		polski polski		
Semestr studiów	1		Liczba punktów ECTS		2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Agnieszka Kaczmarczyk-Ziemba				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		dr Agnieszka Kaczmarczyk-Ziemba				
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	30.0	0.0	0.0	0.0	30
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów		Udział w konsultacjach		Praca własna studenta	RAZEM
	Liczba godzin pracy studenta	30		4.0		16.0	50
Cel przedmiotu	1. Nabycie podstawowej wiedzy o metodach wysokoprzepustowych stosowanych w biologii molekularnej i w badaniach przesiewowych. 2. Nabycie podstawowej wiedzy na temat matematycznego modelowania układów dynamicznych oraz formatów plików wykorzystywanych w biologii systemów (w tym Systems Biology Markup Language). 3. Zdobyć umiejętności wykorzystania literatury specjalistycznej w przedstawianiu właściwości modelu procesu biologicznego. 4. Zdobyć podstawowych umiejętności w zakresie analizy wybranego modelu procesu wewnątrzkomórkowego z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[BIOLMU2_W05] dynamiczny rozwój nauk biologicznych oraz nowe kierunki i dyscypliny badawcze	Student orientuje się w rozwoju i obecnym stanie wiedzy oraz najnowszych trendach w technikach wysokoprzepustowych oraz biologii systemowej; wskazuje ich związek z innymi dyscyplinami nauk przyrodniczych lub medycznych i możliwości ich wykorzystania w praktyce	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja
	[BIOLMU2_W07] specjalistyczne narzędzia bioinformatyczne, użyteczne w rozwiązywaniu problemów studiowanej specjalności nauk biologicznych	Student zna zasady wykorzystania narzędzi informatycznych do analizy danych i interpretacji zidentyfikowanych interakcji elementów systemu	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
	[BIOLMU2_U05] wykorzystywać metody statystyczne oraz techniki i narzędzia informatyczne do opisu zjawisk biologicznych i analizy danych o charakterze specjalistycznym	Student potrafi posługiwać się programami komputerowymi, służącymi do analizy interakcji w układach sieciowych oraz wykorzystywać bazy danych i narzędzia bioinformatyczne do rozwiązywania problemów z zakresu biologii systemowej	[SU3] opracowanie tekstowe/praca pisemna [SU5] realizacja zadania problemowego
	[BIOLMU2_K07] systematycznej aktualizacji wiedzy biologicznej i informacji o jej praktycznych zastosowaniach	Student jest gotów do krytycznej samooceny własnych kompetencji oraz aktualizacji wiedzy z zakresu biologii systemowej i doskonalenia umiejętności analizy danych	[SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
Treści przedmiotu	Biologia systemów jako nowa dziedzina nauki obejmująca zagadnienia interdyscyplinarne. Podejście omiczne w biologii systemów. Wykorzystanie biologii systemów w medycynie, farmakologii i biotechnologii. Biomarkery definicja i podział. Integracja zagadnień z zakresu -omik w celu wytypowania potencjalnych biomarkerów. Techniki analityczne, ich optymalizacja i walidacja. Właściwości modelowych sieci złożonych. Modelowanie systemów złożonych, w szczególności systemów molekularnych jako systemów dynamicznych.		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	zaliczenie	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	wykorzystywana podczas zajęć: - Widłak W. Molecular biology not only for bioinformaticians. Springer, 2013 [Rozdział: High-throughput technologies in molecular biology.] - Walhout M., Vidal M., Dekker J. Handbook of Systems Biology. Concepts and insights. Academic Press (2020). studiowana samodzielnie przez studenta: - Artykuły naukowe wybrane przez prowadzącego i udostępniane studentom.	
	Uzupełniająca lista lektur	Aguda B.D., Friedman A. Models of cellular regulation. Oxford University Press, 2008.	
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:	

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Węzły typu piasta: a. to węzły centralne sieci, które muszą być charakteryzowane wysoką wartością stopnia k-out b. to węzły centralne sieci, które muszą być charakteryzowane wysoką wartością stopnia k-c. to węzły charakteryzowane wysoką wartością stopnia k-out, dzięki czemu możliwe jest wyodrębnienie drzewa binarnego, którego podstawą jest węzeł typu piastad. to węzły centralne sieci, które charakteryzują się wysoką wartością k-in
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.