

Modułowe efekty kształcenia

Moduł:	Bioinformatyka – komputerowa analiza struktur DNA i białek
Kierunek:	Biotechnologia
Specjalność:	Biotechnologia ogólna
Poziom:	II stopień
Typ:	stacjonarny
Profil:	ogólnoakademicki
Rok zatwierdzenia oferty dydaktycznej:	2013

Symbol	Opis	Kierunkowe efekty kształcenia	Obszarowe efekty kształcenia
01	Potrafi szczegółowo scharakteryzować właściwości cząsteczek DNA i białek w oparciu o komputerowo przetworzone informacje dotyczące ich struktury pierwszorzędowej	<ul style="list-style-type: none"> • K_W10 	<ul style="list-style-type: none"> • P2A_W06
02	Potrafi wymieniać i scharakteryzować oraz rozumie zasady działania narzędzi do komputerowej analizy sekwencji DNA i białek	<ul style="list-style-type: none"> • K_W05 • K_W06 • K_W09 • K_W10 	<ul style="list-style-type: none"> • P2A_W03 • P2A_W04 • P2A_W05 • P2A_W06 • P2A_W08
03	Wskazuje i charakteryzuje osiągnięcia bioinformatyki, które pozwalają na rozwój medycyny oraz różnych gałęzi biotechnologii	<ul style="list-style-type: none"> • K_W04 • K_W10 	<ul style="list-style-type: none"> • P2A_W06 • P2A_W07
04	Samodzielnie przeprowadza proste analizy sekwencji DNA i białek oraz dobiera podstawowe algorytmy bioinformatyczne do planowanych analiz sekwencji DNA i białek	<ul style="list-style-type: none"> • K_U01 • K_U04 • K_U05 • K_U09 • K_U10 • K_U11 • K_U12 • K_U13 • K_U14 • K_U16 • K_U17 	<ul style="list-style-type: none"> • P2A_U01 • P2A_U04 • P2A_U05 • P2A_U06 • P2A_U07
05	Weryfikuje, interpretuje i wyciąga wnioski z przeprowadzanych in silico analiz	<ul style="list-style-type: none"> • K_U03 • K_U05 • K_U06 • K_U07 • K_U09 • K_U15 • K_U17 • K_U20 • K_U21 	<ul style="list-style-type: none"> • P2A_U03 • P2A_U05 • P2A_U06 • P2A_U07
06	Posługuje się fachowym słownictwem z zakresu bioinformatyki	<ul style="list-style-type: none"> • K_U03 • K_U06 • K_U17 • K_U21 	<ul style="list-style-type: none"> • P2A_U03 • P2A_U05 • P2A_U06 • P2A_U07
07	Wykazuje kreatywność w samodzielnym planowaniu komputerowych analiz sekwencji DNA i białek oraz jest przekonany o konieczności rozwijania i tworzenia nowych zaawansowanych narzędzi i algorytmów do analiz bioinformatycznych wymuszonych szybkim postępem biologii molekularnej	<ul style="list-style-type: none"> • K_K01 • K_K05 • K_K08 • K_K10 	<ul style="list-style-type: none"> • P2A_K01 • P2A_K04 • P2A_K05 • P2A_K06 • P2A_K07
08	Wykazuje krytycyzm w interpretacji uzyskiwanych wyników i świadomości ich charakteru jako pomocniczego narzędzia w przewidywaniu funkcji genów i białek	<ul style="list-style-type: none"> • K_K01 • K_K05 • K_K10 	<ul style="list-style-type: none"> • P2A_K01 • P2A_K04 • P2A_K05 • P2A_K06 • P2A_K07