



Pracownia
Informatyczna 1

PRACOWNIA INFORMATYCZNA

Dr Magda Mielczarek

- Oryginalnie:
 - Katedra Genetyki
- Gościnnie:
 - Zakład Hodowli Owiec i Zwierząt Futerkowych („na owcach”)
 - Kożuchowska 5A, 51-631 Wrocław
 - Gabinet 119
- magda.mielczarek@upwr.edu.pl
- KONSULTACJE:
 - Stacjonarnie lub online, umawiamy się wcześniej indywidualnie
 - Poniedziałek: 09:00-10:00
 - Piątek: 11:00-12:00



THETA.EDU.PL

- Teaching
- Kontakt
- SKN Bioinformatyków



[Home Page](#) [Contact Us](#) [Teaching](#) [Job](#) [Login](#)



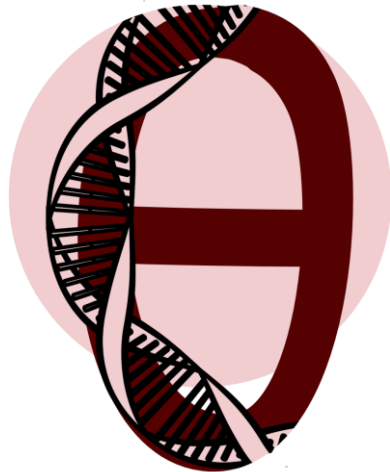
Teaching

- Analiza danych
- Bioinformatyka
- Metody statystyczne w biologii
- Modele liniowe i mieszane na przykładzie analizy danych biologicznych
- Pakiety statystyczne
- Podstawy statystycznego modelowania danych
- Pracownia informatyczna
- Warsztaty grantowe

- [Alumni](#)
- [Collaboration](#)
- [Conferences](#)
- [Grants](#)
- [Projects](#)
- [Publications](#)
- [Seminars](#)
- [Statistics in medicine](#)

PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

CZYM SIĘ ZAJMUJEMY?



BIOSTATISTICS GROUP
WROCLAW, POLAND

Publications

2021

- Suchocki, T., Czech, B., Dunisławska, A., Sławinska, A., Derebecka, N., Wesoly, J., Siwek, M., & Szyda, J. (2021). SNP prioritization in targeted sequencing data associated with humoral immune responses in chicken. *Poultry Science*, 101433. IF(2019)=2.659
- Sztromwasser P, Skrzypczak D, Michalak A, Fendler W. Remus: A Web Application for Prioritization of Regulatory Regions and Variants in Monogenic Diseases. *Frontiers in Genetics* 2021;12:638960. IF(2019)=3.258

2020

- M. Mielczarek, B. Czech, J. Stańczyk, J. Szyda, B. Guldbrandsen. Extraordinary Command Line: Basic Data Editing Tools for Biologists Dealing with Sequence Data. *The Open Bioinformatics Journal*. 13, 137-145. IF(2019)=1.50.
- Sierpiński, R., Josiak, K., Suchocki, T., Wojtas-Polc, K., Mazur, G., Butrym, A., Rozentryt, P., Meer, P., Comin-Colet, J., Haehling, S., Kosmala, W., Przewlocka-Kosmala, M., Banasiak, W., Nowak, J., Voors, A.A., Anker, S.D., Cleland, J., Ponikowski, P., and Jankowska, E.A.
- High Soluble Transferrin Receptor in Patients With Heart Failure: a Measure of Iron Deficiency And a Strong Predictor of Mortality. *European Journal of Heart Failure* - accepted, IF(2019)=11.627.
- Kosińska-Selbi, B., Suchocki, T., Egger-Danner, Ch., Schwarzenbacher, H., Frączczak, M. and Szyda, J.
- Exploring the potential genetic heterogeneity in the incidence of hoof disorders in Austrian Fleckvieh and Braunvieh cattle. *Frontiers in Genetics*. 111, 423. IF(2019)=3.258.
- Sierpiński, R., Sokolska, J.M., Suchocki, T., Koń, B., Urbański, F., Sokolski, M., Ponikowski, P., and Jankowska, E.A.
- Ten-year trends in hospitalisation rates due to heart failure and related in-hospital mortality in Poland (2010-2019). *ESC Heart Failure* - accepted, IF(2019)=3.902.

- Alumni
- Collaboration
- Conferences
- Publications
- Seminars
- Statistics in medicine
- SKN Bioinformatyków
- Twitter

Because we like it!

Staff:

- Joanna Szyda
- Tomasz Suchocki
- Heliodor Wierzbicki
- Magdalena Frączczak
- Anna Mucha
- Magda Mielczarek
- Bartosz Czech
- Michalina Jakimowicz
- Barbara Kosińska-Selbi
- Krzysztof Kotlarz
- Dawid Stomian

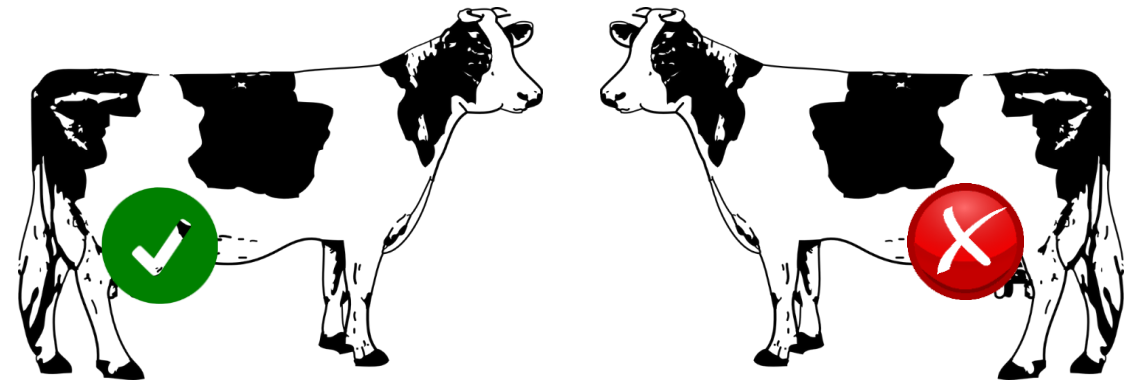
PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

PROJEKT 1

The genetic background of clinical mastitis in HolsteinFriesian cattle

ANALIZA SEKWENCJI DNA CAŁEGO GENOMU

- Technologia NGS (Next Generation Sequencing)
- Sekwencje DNA całego genomu 32 krów:
 - 16 osobników podatnych na zapalenie wymienia
 - 16 osobników zdrowych



PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

PROJEKT 1

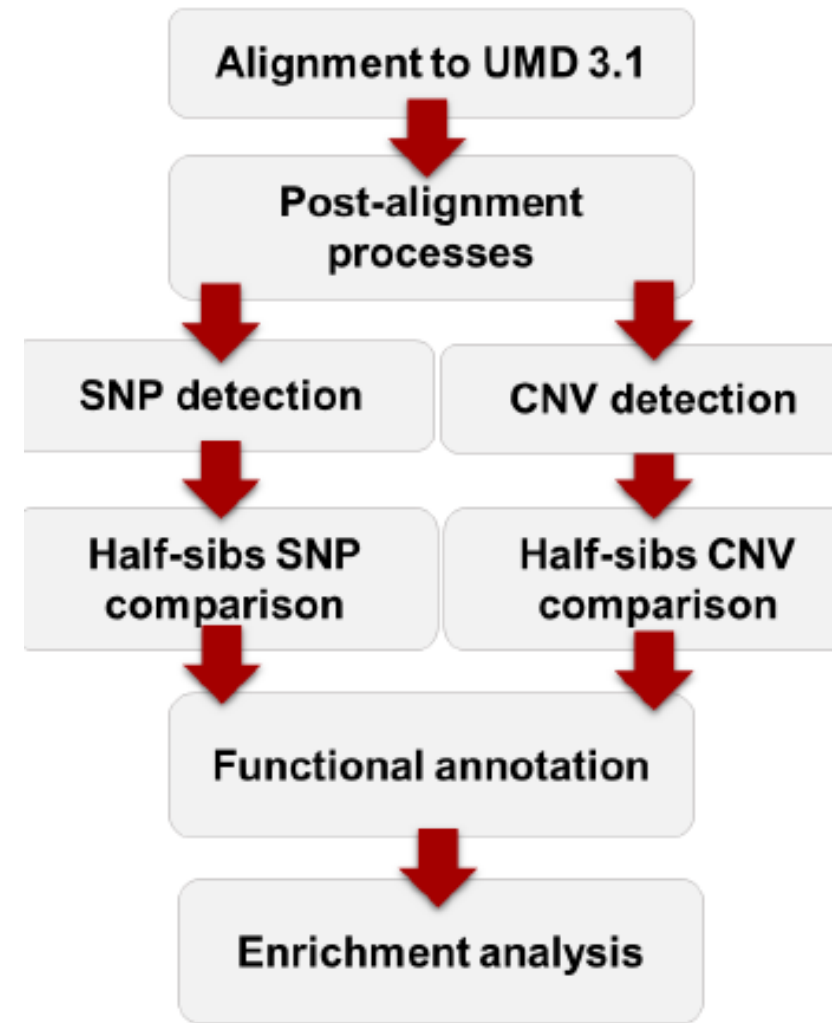
The genetic background of clinical mastitis in HolsteinFriesian cattle

ANALIZA SEKWENCJI DNA CAŁEGO GENOMU

- Detekcja polimorfizmów genetycznych:
 - SNP
 - CNV

CEL:

Znalezienie powiązania pomiędzy polimorfizmami SNP oraz CNV a zapaleniem wymienia



PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

PROJEKT 1

SNPs

Introns of genes with differences in SNP genotypes between sick and healthy cows

RefSeq coding ring finger protein 122 (10/16 half-sibs)

- cell viability and immune response

MET proto-oncogene receptor tyrosine kinase (9/16 half-sibs)

- processes related to inflammation, cancerogenesis

WRN gene (8/16 half-sibs)

- premature aging in humans, increased susceptibility to infection

APP: amyloid beta precursor

- bactericidal and antifungal activities in human
- molecular markers for SCM in ruminants

FOXL2: forkhead box L2

- role in inflammation

SSFA2: sperm specific antigen 2

- associated with SCS = indicator of CM
- overlaps with QTL for bovine immunoglobulin G

CNV DELETIONS

Exons deleted in a sick cow, but present in its healthy half-sib exhibits potential causal influence CM (at least 7 half-sibs pairs)

NDUFS6: NADH:ubiquinone oxidoreductase subunit S6

- QTL for SCS = CM indicator
DGVa: Boussaha *et al.* 2015

ADORA2A: adenosine A2a receptor

- modulating tissue response to inflammation
- in mice highly expressed in mammary gland

DGVa: Hou *et al.* 2011

TXNRD2: thioredoxin reductase 2

- candidate for influencing susceptibility to *S.aureus*

DGVa: Hou *et al.* 2011

OTUD3: deubiquitinase 3

- associated with inflammatory bowel disease in humans

DGVa: Keel *et al.* 2017

The genetic background of clinical mastitis in Holstein-Friesian cattle

J. Szyda^{1,2†}, M. Mielczarek^{1,2}, M. Frąszczak¹, G. Minozzi³, J. L. Williams⁴ and K. Wojdak-Maksymiec⁵

¹Biostatistics Group, Department of Genetics, Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Kozuchowska 7, 51-631 Wrocław, Poland; ²Institute of Animal Breeding, Krakowska 1, 32-083 Balice, Poland; ³Department of Veterinary Medicine, Università degli Studi di Milano, Via Giovanni Celoria 10, 20133 Milano, Italy; ⁴Davies Research Centre, School of Animal and Veterinary Sciences, University of Adelaide, Roseworthy, SA 5371, Australia; ⁵Department of Animal Genetics, West Pomeranian University of Technology, Doktora Judyma 26, 71-466 Szczecin, Poland

(Received 15 September 2018; Accepted 28 January 2019; First published online 5 March 2019)

Mastitis is an inflammatory disease of the mammary gland, which has a significant economic impact and is an animal welfare concern. This work examined the association between single nucleotide polymorphisms (SNPs) and copy number variations (CNVs) with the incidence of clinical mastitis (CM). Using information from 16 half-sib pairs of Holstein-Friesian cows (32 animals in total) we searched for genomic regions that differed between a healthy (no incidence of CM) and a mastitis-prone (multiple incidences of CM) half-sib. Three cows with average sequence depth of coverage below 10 were excluded, which left 13 half-sib pairs available for comparisons. In total, 191 CNV regions were identified, which were deleted in a mastitis-prone cow, but present in its healthy half-sib and overlapped in at least nine half-sib pairs. These regions overlapped with exons of 46 genes, among which APP (BTA1), FOXL2 (BTA1), SSFA2 (BTA2), OTUD3 (BTA2), ADORA2A (BTA17), TXNRD2 (BTA17) and NDUFS6 (BTA20) have been reported to influence CM. Moreover, two duplicated CNV regions present in nine healthy individuals and absent in their mastitis-affected half-sibs overlapped with exons of a cholinergic receptor nicotinic α 10 subunit on BTA15 and a novel gene (ENSBTAG00000008519) on BTA27. One CNV region deleted in nine mastitis-affected sibs overlapped with two neighbouring long non-coding RNA sequences located on BTA12. Single nucleotide polymorphisms with differential genotypes between a healthy and a mastitis-affected sib included 17 polymorphisms with alternate alleles in eight affected and healthy half-sib families. Three of these SNPs were located in introns of genes: MET (BTA04), RNF122 (BTA27) and WRN (BTA27). In summary, structural polymorphisms in form of CNVs, putatively play a role in susceptibility to CM. Specifically, sequence deletions have a greater effect on reducing resistance against mastitis, than sequence duplications have on increasing resistance against the disease.

Keywords: copy number variation, genomic annotation, single nucleotide polymorphism, somatic mutations, whole genome sequence

PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

PROJEKT 2

The application of deep learning for the classification of correct and incorrect SNP genotypes from whole-genome DNA sequencing Pipelines

ANALIZA SEKWENCJI DNA CAŁEGO TRANSKRYPTOMU

- Technologia NGS (Next Generation Sequencing)
- Sekwencje dla 5 szczurów laboratoryjnych: RNA-seq: (transkryptom)
 - **Stres cieplny** - 120 min w 42°C

CELE:

- Analiza różnicowa ekspresji genów



PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

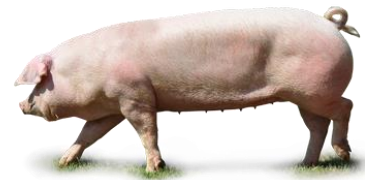
PROJEKT 3

Modulation of gene expression by CNVs

ANALIZA SEKWENCJI DNA CAŁEGO GENOMU I TRANSKRYPTOMU

- Technologia NGS (Next Generation Sequencing)
- 2 zbiory danych zawierających sekwencje DNA (genom) i RNA (transkryptom)

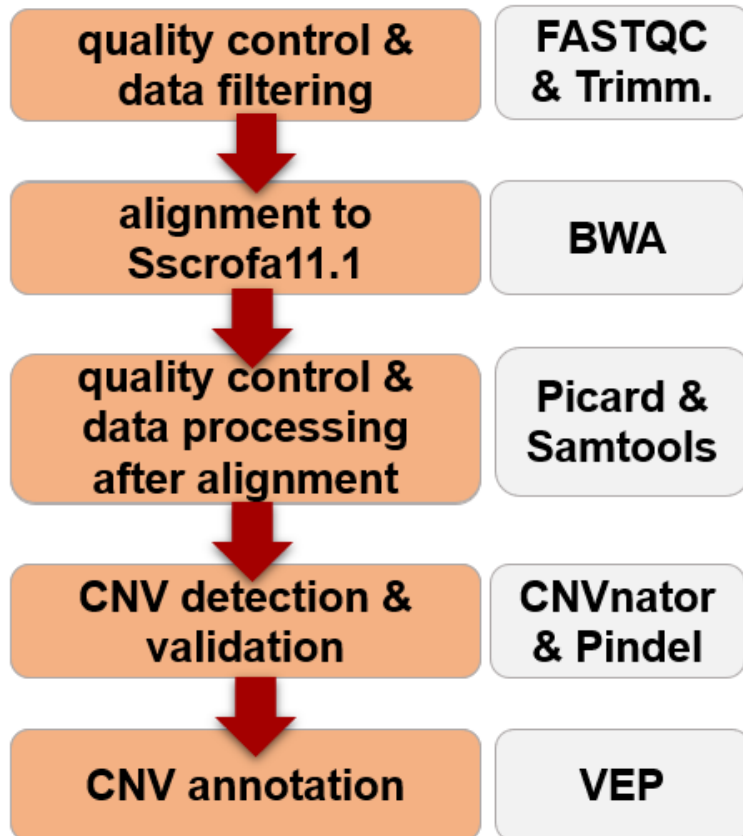
Dataset 1			Dataset 2
Source	PRJNA354435	PRJNA403969	Self collected data (S1-S6)
Breed	Duroc x Pietrain	Duroc x Pietrain	Polish Landrace
# individuals	1 female	143 females	6 males
DNA-seq	Illumina HiSeq 2500 150bp x2 average coverage: 15	×	NovaSeq 6000 150bp x2 average coverage: ~15
RNA-seq (Muscle)	Illumina HiSeq 2500 150bp x2 171,810,298 PE reads	Illumina Hiseq 2500 150bp x2 43,873,302 - 39,455,116 PE reads	NovaSeq 6000 100bp x2 120,802,823 - 168,508,615 PE reads



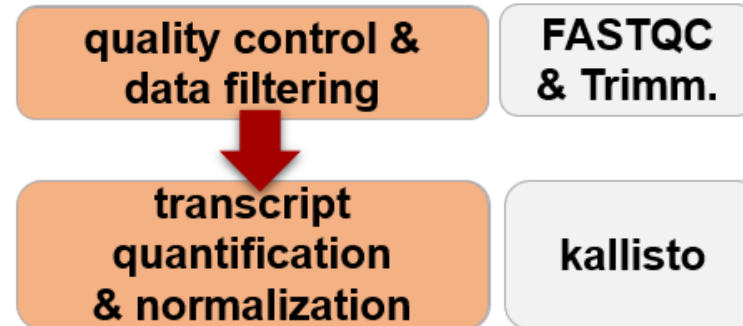
PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

PROJEKT 3

1. CNVs detection (DNA)



2. Transcript quantification (RNA)



3. CNV impact on gene expression investigation



PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

PROJEKT 3

Wnioski (wstępne):

1. Delecje zmniejszają ekspresję genów
2. Duplikacje nie zmieniają ekspresji genów
3. Nie ma korelacji między wielkością delecji/duplikacji a poziomem ekspresji genów

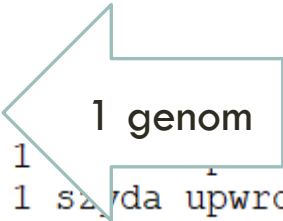
PRZECZYTYWANIE I PRZETWARZANIE DANYCH

Jakiej wielkości może być plik tekstowy przechowujący genom ssaka?

[illegible]

PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

PRZECHOWYWANIE I PRZETWARZANIE DANYCH



```
total 44G
-rw-rw---- 1 szyda upwroclaw 383M Jan 16 2014 lane1_NoIndex_L001_R1_029.fastq.gz
-rw-rw---- 1 szyda upwroclaw 376M Jan 16 2014 lane1_NoIndex_L001_R2_055.fastq.gz
-rw-rw---- 1 szyda upwroclaw 385M Jan 16 2014 lane1_NoIndex_L001_R2_038.fastq.gz
-rw-rw---- 1 szyda upwroclaw 375M Jan 16 2014 lane1_NoIndex_L001_R1_046.fastq.gz
-rw-rw---- 1 szyda upwroclaw 387M Jan 16 2014 lane1_NoIndex_L001_R1_059.fastq.gz
-rw-rw---- 1 szyda upwroclaw 383M Jan 16 2014 lane1_NoIndex_L001_R2_048.fastq.gz
-rw-rw---- 1 szyda upwroclaw 385M Jan 16 2014 lane1_NoIndex_L001_R1_010.fastq.gz
-rw-rw---- 1 szyda upwroclaw 380M Jan 16 2014 lane1_NoIndex_L001_R2_050.fastq.gz
-rw-rw---- 1 szyda upwroclaw 378M Jan 16 2014 lane1_NoIndex_L001_R1_057.fastq.qz
```

PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

PRZECHOWYWANIE I PRZETWARZANIE DANYCH

System Requirements

1. Hardware:

- a) 64-bit x86-64 CPUs with SSE instructions
- b) 8 GB main memory (for a genome as large as human's)
- c) 8 GB hard disk (for a genome as large as human's).

2. Software:

- a) 64-bit Linux system

System Requirement

SOAPdenovo aims for large plant and animal genomes, although it also works well on bacteria and fungi genomes. It runs on 64-bit Linux system with a minimum of 5G physical memory. For big genomes like human, about 150 GB memory would be required.

	GMAP	minimap2	SpAln	STAR
Run time (CPU min)	631	15.9	2076	33.9
Peak RAM (GByte)	8.9	14.5	3.2	29.2
# aligned reads	103 669	104 199	103 711	26 479
# chimeric alignments	1 904	1 488	0	0
# non-spliced alignments	15 854	14 798	17 033	10 545
# aligned introns	692 275	693 553	692 945	78 603
# novel introns	11 239	3 113	8 550	1 214
% exact introns	83.8%	94.0%	87.9%	55.2%
% approx. introns	91.8%	96.9%	92.5%	82.4%

Mouse reads (AC:SRR5286960) were mapped to the primary assembly of mouse genome GRCm38 with the following tools and command options: minimap2 ('-ax splice'); GMAP ('-n 0 -min-intronlength 30 -cross-species'); SpAln ('-Q7 -LS -S3'); STARlong (according to <http://bit.ly/star-pb>). The alignments were compared to the Ensembl gene annotation, release 89. A predicted intron is *novel* if it has no overlaps with any annotated introns. An intron is *exact* if it is identical to an annotated intron. An intron is *approximate* if both its 5'- and 3'-end are within 10bp around the ends of an annotated intron.



**Short Oligonucleotide
Analysis Package**

PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

DLACZEGO BASH?

Praca na klastrach obliczeniowych

- Brak GUI
- W praktyce przetwarzanie i przechowywanie danych biologicznych nie byłoby możliwe bez komputerów o dużej mocy obliczeniowej i o dużych zasobach pamięci dyskowej

Środowisko programistyczne

- Szybkie przetwarzanie danych
- Pisanie własnych skryptów
- Implementacja programów
- Wiele programów dostępnych jedynie pod Linuksa



PRACOWNIA BIOSTATYSTYKI

PRZECHOWYWANIE I PRZETWARZANIE DANYCH



POZNAŃSKIE CENTRUM SUPERKOMPUTEROWO – SIECIOWE
AFILIOWANE PRZY INSTYTUCIE CHEMII BIOORGANICZNEJ PAN



PCSS online // Wiadomości: nowości

Projekty krajowe

Wiadomości

aktualne

4K Video
ARM1
Conference4me
dArceo
dLab
dLibra
dMuseion
emiter
EMMA22
FBC
KMD
MIM Poznań
Nabór
PIONIER Rendering 3D
PIONIER Wideokonferencje
PIONIER TCS
SelfFind
Sieć PIONIER
Sieć POZMAN
SWEP
Transmisje ORL
Transmisje z wydarzeń

2016-11-09

Orzeł/Eagle z systemem pamięci masowej XtremIO



Przy budowie jednego z najszybszych superkomputerów w Polsce - Orzeł/Eagle - zbudowanego przez PCSS, wykorzystano rozwiązania XtremIO firmy Dell EMC. System pamięci masowych firmy Dell EMC, XtremIO, który od początku był projektowany w architekturze All-flash i dzięki temu charakteryzuje się bardzo wysoką wydajnością i opóźnieniem dostępu do danych poniżej 1 ms, umożliwił uzyskanie bardzo wysokich wydajności dzięki ekstremalnie szybkiej obsłudze tzw. meta danych zawierających m.in. informacje o rzeczywistym położeniu danych użytkownika na nośnikach pamięci masowych.

Zbudowany przez Centrum Komputerów Dużej Mocy klastery obliczeniowy „Orzeł/Eagle” jako drugi najszybszy komputer w Polsce i 79 najszybszy komputer na świecie znalazł się na globalnej liście najszybszych komputerów (TOP 500) z listopada 2015 r. Składa się on z ponad 1000 węzłów o łącznej mocy obliczeniowej ponad 1,4 PFlops, zawierających łącznie prawie 33 tys. rdzeni i 300 TB pamięci operacyjnej. Klastery korzysta też z 7,5 PB przestrzeni dyskowej i 47 PB pamięci masowej w chmurze.

STUDENCI

DLACZEGO BASH?

Bioinformatyka ... i inne nauki ścisłe!

- praca na klastrach obliczeniowych
- oferty pracy z fizyki i z chemii

Informatyka

- środowisko programistyczne

Excellent understanding and practical skills in scripting languages (i.e. PowerShell, bash)

*Experience in UNIX like systems at a user level,
simple bash commands*

- ✓ Zrozumienie następujących technologii: Jira, zapytania SQL (MSSQL i Oracle), znajomość języka skryptowego (np. Bash, PowerShell, Java), platforma kontroli wersji (np. Git)

stanowisko, firma, słowo kluczowe

bash x

miejsowość, województwo lub kraj

Filtruj: Kategorie Poziom stanowiska Rodzaj umowy Wymiar pracy Tryb pracy Pozostałe

Praca: **bash** - Mamy dla Ciebie 903 ofert



Zapisz kryteria wyszukiwanych ofert, a powiadomimy Cię, gdy pojawią się nowe.

Festiwal Pracy
JOBICON
online

Festiwal Pracy JOBICON online

Weź udział w bezpłatnym wydarzeniu

Sprawdź teraz



Młodszy Analityk Wsparcia Technicznego

Aviva

Warszawa

umowa o pracę pełny etat praca zdalna młodszy specjalista (junior)

opublikowana: 3 października 2021



Customer and System Engineer

NOKIA [Zobacz profil](#)

16 lokalizacji

umowa o pracę pełny etat praca zdalna specjalista (mid / regular)

opublikowana: 3 października 2021



Junior Data Scientist – Program ChallengING

ING Bank Śląski S.A.

2 lokalizacje

umowa o pracę pełny etat młodszy specjalista (junior)

opublikowana: 3 października 2021

PRACOWNIA INFORMATYCZNA

ORGANIZACJA ZAJĘĆ

Pracownia:

→ PRACA SAMODZIELNA (!)

- Na zajęciach
- W domu

→ listy zadań

- Proszę uważać na znaki (word → pdf)
- Pierwsza lista już na 12.10.2021

→ mini wykłady

```
mielczarek@mielczarek: ~/katalog_z_plikami
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ pwd
/home/mielczarek/katalog_z_plikami
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ ls -lrth
razem 0
-rw-rw-r-- 1 mielczarek mielczarek 0 kwi 28 15:11 plik_zmieniona_nazwa
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ chmod 700 plik_zmieniona_nazwa
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ ls -lrth
razem 0
-rwx----- 1 mielczarek mielczarek 0 kwi 28 15:11 plik_zmieniona_nazwa
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ chmod 444 plik_zmieniona_nazwa
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ ls -lrth
razem 0
-r--r--r-- 1 mielczarek mielczarek 0 kwi 28 15:11 plik_zmieniona_nazwa
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ chmod 111 plik_zmieniona_nazwa
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ ls -lrth
razem 0
---x--x--x 1 mielczarek mielczarek 0 kwi 28 15:11 plik_zmieniona_nazwa
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ chmod 741 plik_zmieniona_nazwa
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$ ls -lrth
razem 0
-rwxr----x 1 mielczarek mielczarek 0 kwi 28 15:11 plik_zmieniona_nazwa
mielczarek@mielczarek:~/katalog_z_plikami$
```


PRACOWNIA INFORMATYCZNA

ZASADY ZALECZENIA

Obecność obowiązkowa

Max 2 nieobecności

Zaliczenie:

→ aktywność na zajęciach

→ **PRACA SAMODZIELNA (!)**

→ projekt (ostatnie 3-4 zajęcia)

zaimplementowanie programu do analizy danych biologicznych

→ kolokwium

napisanie prostego kodu i wyjaśnienie go

nie ma możliwości korzystania z Google

PRACOWNIA INFORMATYCZNA

TEMATYKA

Biologiczne bazy danych

Formaty danych

Podstawowe narzędzia bash

Przetwarzanie danych biologicznych

Implementacja programów do analizy danych

Edytor tekstowy vim

Pytania odnośnie przedmiotu?

```
## ENSEMBL VARIANT EFFECT PREDICTOR v84
## Output produced at 2016-12-19 16:48:38
## Connected to bos_taurus_core_84_31 on ensembl.ensembl.org
## Using cache in /home/users/mielczarek/.vep/bos_taurus/84_UMD3.1
## Using API version 84, DB version 84
## sift version sift5.2.2
## genebuild version 2011-09
## assembly version UMD3.1
## dbSNP version 146
## Extra column keys:
## IMPACT : Subjective impact classification of consequence type
## DISTANCE : Shortest distance from variant to transcript
## STRAND : Strand of the feature (1/-1)
## FLAGS : Transcript quality flags
#Uploaded_variation Location Allele Gene Feature
Feature_type Consequence cDNA_position CDS_position
Protein_position Amino_acids Codons Existing_variation Extra
29_152901_deletion 29:152901-154300 - - - -
intergenic_variant - - - - - -
29_199501_deletion 29:199501-200200 deletion
ENSBTAG00000047527 ENSBTAT00000064555 Transcript
downstream_gene_variant - - - - - -
IMPACT=MODIFIER;DISTANCE=1183;STRAND=1
29_532301_deletion 29:532301-534200 - - - -
intergenic_variant - - - - - -
29_876801_deletion 29:876801-878900 - - - -
intergenic_variant - - - - - -
29_1161501_deletion 29:1161501-1162600 - - - -
intergenic_variant - - - - - -
29_1288601_deletion 29:1288601-1291300 - - - -
intergenic_variant - - - - - -
```

COVID-19

Zarządzenie nr 173/2021 Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu z dnia 9 września 2021 roku

- „Pomieszczenia dydaktyczne powinny być regularnie **wietrzone** w tym: przed zajęciami, nie rzadziej niż co godzinę w trakcie zajęć, pomiędzy zajęciami powinna obowiązywać przerwa - odpowiednia dla bezpiecznej wymiany osób i przewietrzenia.”
- „Obowiązuje nakaz zasłaniania ust i nosa (noszenie **maseczek**) przez wszystkich uczestników zajęć przez cały czas ich trwania.”

https://bip.upwr.edu.pl/akty-prawne/zarzadzenia/zarzadzenia-rektora/2021-rok/zarzadzenie-nr-1732021-rektora-uniwersytetu-przyrodniczego-we-wroclawiu-z-dnia-9-wrzesnia-2021-roku-177.html?fbclid=IwAR1llhCwaaiKp5lCfq7oHYszZ4mCm1lxl_wLXyL_ufls_xLY8KqDZTaDXJM

Pliki do pobrania



Załącznik nr 1 do zarządzenia nr 173 z dnia 9 września 2021 roku

Zasady ogólne dotyczące funkcjonowania Uczelni

61.11KB [.pdf]

Metryczka ▼



Załącznik nr 2 do zarządzenia nr 173 z dnia 9 września 2021 roku

Zasady obowiązujące na terenie Krytej Pływalni UPWr oraz Hali Wielofunkcyjnej UPWr

68.77KB [.pdf]

Metryczka ▼



Załącznik nr 3 do zarządzenia nr 173 z dnia 9 września 2021 roku

Zasady funkcjonowania Biblioteki UPWr

68.11KB [.pdf]

Metryczka ▼



Załącznik nr 4 do zarządzenia nr 173 z dnia 9 września 2021 roku

Zalecenia dotyczące zapewnienia bezpiecznych warunków prowadzenia zajęć dydaktycznych z bezpośrednim udziałem studentów, doktorantów, słuchaczy studiów podyplomowych i uczestników innych form kształcenia na terenie Uczelni

75.70KB [.pdf]

Metryczka ▼



Załącznik nr 5 do zarządzenia nr 173 z dnia 9 września 2021 roku

Zalecenia dotyczące bezpiecznych warunków korzystania z domów studenckich

61.24KB [.pdf]

Metryczka ▼