

I. Informacje ogólne

1. Nazwa zajęć/przedmiotu:

Podstawy bioinformatyki

2. Kod zajęć/przedmiotu: **01-BiZC-PODBINF**

3. Rodzaj zajęć/przedmiotu (obowiązkowy lub fakultatywny): **obowiązkowy**

4. Kierunek studiów: **Biologia i zdrowie człowieka, studia stacjonarne**

5. Poziom studiów (I lub II stopień, jednolite studia magisterskie): **I stopień**

6. Profil studiów (ogólnoakademicki / praktyczny): **ogólnoakademicki**

7. Rok studiów (jeśli obowiązuje): **II**

8. Rodzaje zajęć i liczba godzin (np.: 15 h W, 30 h CW):

Wykłady: 10 godzin

Ćwiczenia: 35 godzin

9. Liczba punktów ECTS: **4**

10. Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy, adres e-mail prowadzącego zajęcia

prof. dr hab. Izabela Makołowska, izabel@amu.edu.pl

dr Maciej Chyleński, maciej.ch@amu.edu.pl

11. Język wykładowy: **polski**

12. Zajęcia/przedmiot prowadzone zdalnie (e-learning) (tak [częściowo/w całości] / nie): **nie**

II. Informacje szczegółowe

1. Cele zajęć/przedmiotu

Celem przedmiotu jest zapoznanie studentów z podstawami analiz bioinformatycznych oraz możliwościami ich wykorzystania w badaniach związanych w szeroko pojętym zdrowiem człowieka. W ramach zajęć studenci zapoznają się także z podstawowymi bazami danych oraz narzędziami bioinformatycznymi wykorzystywanymi w omawianych analizach danych molekularnych.

2. Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności oraz kompetencji społecznych (jeśli obowiązują)

Podstawy genetyki i biologii molekularnej; szczególnie: budowa białek i kwasów nukleinowych, budowa genomu, budowa genu, regulacja ekspresji genów, replikacja materiału genetycznego, mutacje

3. Efekty uczenia się (EU) dla zajęć i odniesienie do efektów uczenia się (EK) dla kierunku studiów

Symbol EU dla zajęć/przedmiotu	Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia EU student/ka:	Symbole EK dla kierunku studiów
Efekt_01	Potrafi opisać molekularne i ewolucyjne podstawy analiz bioinformatycznych	K_W02, K_K01
Efekt_02	Potrafi wymienić i opisać zastosowania bioinformatyki w badaniach człowieka	K_W02, K_U01, K_K01
Efekt_03	Potrafi wymienić najważniejsze bazy danych molekularnych	K_W02, K_U02, K_K01
Efekt_04	Potrafi wyszukać i pobrać dane z baz administrowanych przez National Center for Biotechnology Information	K_W02, K_U02, K_K01
Efekt_05	Potrafi zastosować podstawowe narzędzia bioinformatyczne w analizach sekwencji RNA i DNA	K_W02, K_U01, K_K01
Efekt_06	Potrafi zastosować podstawowe narzędzia bioinformatyczne w analizach sekwencji białkowych	K_W02, K_U01, K_K01
Efekt_07	Potrafi oszacować potencjalny wpływ mutacji na ekspresję genu i funkcjonowanie kodowanego białka	K_W02, K_U01, K_K01

Efekt_08	Potrafi wykonać adnotacje funkcjonalne w oparciu o dane GO i KEGG	K_W02, K_U01, K_K01
Efekt_09	Zna i rozumie zasady i metody konstruowania drzew filogenetycznych	K_W02, K_K01
Efekt_10	Potrafi skonstruować i zinterpretować proste drzewo filogenetyczne	K_W02, K_U01, K_K01

4. Treści programowe zapewniające uzyskanie efektów uczenia się (EU) z odniesieniem do odpowiednich efektów uczenia się (EU) dla zajęć/przedmiotu

Treści programowe dla zajęć/przedmiotu	Symbol EU dla zajęć/przedmiotu
Kodowanie i odczytywanie informacji zawartych w genomach	Efekt_01
Pojęcie bioinformatyki	Efekt_02
Przykłady zastosowania analiz bioinformatycznych w diagnostyce, epidemiologii, farmakologii	Efekt_02
Bazy NCBI jako przykład baz sekwencji nukleinowych i białkowych	Efekt_03, Efekt_04
Ewolucyjne podstawy analiz porównawczych sekwencji nukleinowych i białkowych	Efekt_01
Zasady i podejścia w przeprowadzaniu analiz podobieństwa sekwencji	Efekt_05, Efekt_06
Narzędzia do przyrównywania sekwencji	Efekt_05, Efekt_06
Metody identyfikacji genów	Efekt_05
Główne zasady analizy transkryptomów i związane z tym problemy	Efekt_05
Główne podejścia w przeprowadzaniu analiz mających na celu identyfikację motywów i czynników regulatorowych	Efekt_05
Identyfikacja motywów funkcjonalnych w sekwencjach białkowych	Efekt_06
Analiza struktury drugo- i trzeci-rzędowej sekwencji białkowych	Efekt_06
Analiza wpływu mutacji na ekspresję genu i funkcjonowanie kodowanego białka	Efekt_07
Adnotacje funkcjonalne – ontologie i ścieżki metaboliczne	Efekt_08
Teoretyczne podstawy budowania drzew filogenetycznych	Efekt_09
Metody i narzędzia do analiz filogenetycznych	Efekt_10

5. Zalecana literatura

Wydawnictwa książkowe (wybrane fragmenty wskazane przez prowadzącego)

1. Attword Teresa K., Higgs Paul G.: Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2011
2. Jin Xiong: Podstawy Bioinformatyki, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa, 2011

6. Informacja o tym, gdzie można zapoznać się z materiałami do zajęć, instrukcjami do laboratorium, itp.

III. Informacje dodatkowe

1. Metody i formy prowadzenia zajęć umożliwiające osiągnięcie założonych EK (proszę wskazać z proponowanych metod właściwe dla opisywanego modułu lub/i zaproponować inne)

Metody i formy prowadzenia zajęć	
Wykład z prezentacją multimedialną wybranych zagadnień	TAK
Wykład konwersatoryjny	
Wykład problemowy	

3. Nakład pracy studenta i punkty ECTS

Forma aktywności	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności	
	studia stacjonarne	studia niestacjonarne
Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem	45	0
Praca własna studenta		
Przygotowanie do zajęć	15	0
Czytanie wskazanej literatury	5	0
Przygotowanie pracy pisemnej, raportu, prezentacji, demonstracji, itp.	5	0
Przygotowanie projektu		0
Przygotowanie pracy semestralnej		0
Przygotowanie do egzaminu / zaliczenia	30	0
SUMA GODZIN	100	0
LICZBA PUNKTÓW ECTS DLA MODUŁU ZAJĘĆ/PRZEDMIOTU	4	0

4. Kryteria oceniania wg skali stosowanej w UAM

bardzo dobry (bdb; 5,0): Minimum 95% punktów na kolokwium/egzaminie

dobry plus (+db; 4,5): Minimum 85% punktów na kolokwium/egzaminie, przygotowanie bardzo dobrze opracowanych raportów

dobry (db; 4,0): Minimum 75% punktów na kolokwium/egzaminie, przygotowanie bardzo dobrze opracowanych raportów z nielicznymi błędami,

dostateczny plus (+dst; 3,5): Minimum 65% punktów na kolokwium/egzaminie, przygotowanie dobrze opracowanych raportów

dostateczny (dst; 3,0): Minimum 60% punktów na kolokwium/egzaminie, przygotowanie poprawnie opracowanych raportów,

niedostateczny (ndst; 2,0): Poniżej 60% punktów na kolokwium/egzaminie, brak raportu