

SYLABUS – OPIS ZAJĘĆ/PRZEDMIOTU

I. Informacje ogólne

1. Nazwa zajęć/przedmiotu:

Bioinformatics - principles of biological sequences analysis

2. Kod zajęć/przedmiotu:

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

4. Kierunek studiów: Biotechnologia, studia stacjonarne

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

6. Profil studiów (ogólnoakademicki / praktyczny): ogólnoakademicki

7. Rok studiów (jeśli obowiązuje): I

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

Wykłady: 25 godzin

Ćwiczenia: 25 godzin

9. Liczba punktów ECTS: 4

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

dr hab. Marek Żywicki

11. Język wykładowy: angielski

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

II. Informacje szczegółowe

1. Cele zajęć/przedmiotu

The aim of the course is to provide the students with the basic knowledge of the theoretical basics of biological sequence analysis and to develop skills necessary for utilization of bioinformatic tools and biological databases. The lectures are focused on the demonstration of the principles underlying commonly used bioinformatic techniques. Topics will cover molecular biology databases, sequence alignments, phylogenetic analysis, homologous sequence searches, RNA analysis and identification of sequence motifs.

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

Basic understanding of molecular biology

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	efficiently search and use the resources of the public databases of molecular data -- NCBI Entrez databases, UniProt	K_W05, K_W08, K_U01, K_U03, K_U04, K_K01, K_K08
Efekt_02	search molecular sequence databases in order to find similar nucleic and amino acid sequences, interpret the results of such searches and determine their statistical significance	K_W01, K_W02, K_W05, K_U01, K_U06, K_K02
Efekt_03	understand the methods and parameters used for alignments of biological sequences	K_W01, K_U01, K_W08, K_W05, K_U03, K_W10
Efekt_04	perform and interpret alignments of biological sequences and determine parameters necessary for obtaining biologically significant results	K_W01, K_W04, K_U01, K_W10
Efekt_05	perform and interpret the results of the analysis of protein and nucleic acids motifs	K_W01, K_W02, K_W05, K_W10, K_U01, K_U04, K_U06

Efekt_06	perform and interpret the results of phylogenetic analysis based on the sequences of nucleic acids and proteins	K_W01, K_W05, K_W10, K_U06
Efekt_07	perform the prediction of RNA secondary structure using different methods and interpret the results	K_W01, K_W05, K_W09, K_U06
Efekt_08	design an analytical pipeline for characterization of unknown biological sequence to obtain biologically relevant information	K_W01, K_W04, K_W10, K_U06
Efekt_09	understand the process of annotation of genomic sequences	K_W01, K_W05, K_W10, K_U06, K_K01, K_K02

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
Biological databases - sequences of proteins and nucleic acids, biological structures, high throughput data	Efekt_01, Efekt_08
Formats of records and annotations in biological databases	Efekt_01
Strategies of sequence database searches - system NCBI Entrez, organization, and relationships between different data sources	Efekt_02
Methods and tools for pairwise sequence alignments	Efekt_03, Efekt_04, Efekt_08
Alignments scoring methods - substitution matrices for protein sequence alignments, gap scoring systems	Efekt_03, Efekt_04
Sequence motifs, patterns and profiles - definitions, databases, sequence analysis and interpretation	Efekt_05, Efekt_08
Searching sequence databases using sequence queries - BLAST and FASTA algorithms	Efekt_02, Efekt_08
Multiple sequence alignments	Efekt_03, Efekt_04, Efekt_08
Phylogenetic analysis - methods, tools and practical applications	Efekt_06, Efekt_08
Annotation of genomic sequences	Efekt_09
Prediction of the RNA secondary structure - methods, tools and applications	Efekt_08, Efekt_07

5. Zalecana literatura

Wydawnictwa książkowe (wybrane fragmenty wskazane przez prowadzącego)

1. Arthur Lesk: Introduction to Bioinformatics, Oxford University Press, Oxford, 2019

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	
Dyskusja	TAK
Praca z tekstem	
Metoda analizy przypadków	
Uczenie problemowe (Problem-based learning)	
Gra dydaktyczna/symulacyjna	
Rozwiązywanie zadań (np.: obliczeniowych, artystycznych, praktycznych)	
Metoda ćwiczeniowa	TAK
Metoda laboratoryjna	

Metoda badawcza (dociekania naukowego)	
Metoda warsztatowa	
Metoda projektu	
Pokaz i obserwacja	
Demonstracje dźwiękowe i/lub video	
Metody aktywizujące (np.: „burza mózgów”, technika analizy SWOT, technika drzewka decyzyjnego, metoda „kuli śnieżowej”, konstruowanie „map myśli”)	
Praca w grupach	

2. Sposoby oceniania stopnia osiągnięcia EK (proszę wskazać z proponowanych sposobów właściwe dla danego EK lub/i zaproponować inne)

Sposoby oceniania	Symbole EK dla modułu zajęć/przedmiotu								
	EK_1	EK_2	EK_3	EK_4	EK_5	EK_6	EK_7	EK_8	EK_9
Egzamin pisemny									
Egzamin ustny									
Egzamin z „otwartą książką”									
Kolokwium pisemne	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK
Kolokwium ustne									
Test									
Projekt									
Esej									
Raport	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK
Prezentacja multimedialna									
Egzamin praktyczny (obserwacja wykonawstwa)									
Portfolio									

3. Nakład pracy studenta i punkty ECTS

Forma aktywności	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności
Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem	50
Praca własna studenta:	
Przygotowanie do zajęć	10
Czytanie wskazanej literatury	
Przygotowanie pracy pisemnej, raportu, prezentacji, demonstracji, itp.	20
Przygotowanie projektu	
Przygotowanie pracy semestralnej	
Przygotowanie do egzaminu / zaliczenia	20
SUMA GODZIN	100
LICZBA PUNKTÓW ECTS DLA MODUŁU ZAJĘĆ/PRZEDMIOTU	4

4. Kryteria oceniania wg skali stosowanej w UAM

Wykład

Completing the course depends on positive grade of the final test. The grading criteria are as follows:

- bardzo dobry (bdb; 5.0) – test score over 90%
- dobry plus (+ db; 4.5) – test score in the range of 81-90%
- dobry (db; 4.0) – test score in the range of 71-80%
- dostateczny plus (+ dst; 3.5) – test score in the range of 61-70%
- dostateczny (dst; 3.0) – test score in the range of 51-60%
- niedostateczny (ndst; 2.0) – test score below 50%

Ćwiczenia

Completing the practical course requires returning of all lab reports and passing the final test according to the criteria described for the lecture part.

bardzo dobry (bdb; 5,0): excellent knowledge, skills and social competences

dobry plus (+db; 4,5): very good knowledge skills and social competences

dobry (db; 4,0): good knowledge, skills and social competences

dostateczny plus (+dst; 3,5): knowledge, skills and social competences with notable shortcomings

dostateczny (dst; 3,0): knowledge, skills and social competences with significant shortcomings

niedostateczny (ndst; 2,0): insufficient knowledge, skills and social competences.