



## Bioinformatyka

### Sylabus zajęć

#### Informacje podstawowe

<b>Kierunek studiów</b> Biotechnologia	<b>Cykl dydaktyczny</b> 2022/23	
<b>Specjalność</b> -	<b>Kod zajęć</b> WBBTES.12N.1591016156.22	
<b>Jednostka organizacyjna</b> Wydział Biologii	<b>Języki wykładowe</b> Polski	
<b>Poziom studiów</b> Studia pierwszego stopnia	<b>Obligatoryjność</b> Obowiązkowy	
<b>Forma studiów</b> Studia stacjonarne	<b>Blok zajęciowy</b> Przedmioty nieprzypisane	
<b>Profil studiów</b> Profil ogólnoakademicki		
<b>Koordynator zajęć</b>	Wojciech Karłowski	
<b>Prowadzący zajęcia</b>	Wojciech Karłowski, Maciej Chyleński, Patryk Konieczny	
<b>Okres</b> Semestr 2	<b>Forma zajęć / liczba godzin / forma zaliczenia</b> Wykład: 15, Zaliczenie z oceną Ćwiczenia: 15, Zaliczenie z oceną	<b>Liczba punktów ECTS</b> 2

## Cele kształcenia dla zajęć

Kod	Cel
C1	Przekazanie wiedzy na temat dostępnych zasobów oraz rodzajów danych biologicznych.
C2	Przedstawienie technik i strategii przeszukiwania biologicznych baz danych.
C3	Wykształcenie umiejętności analizy rekordów danych biologicznych.
C4	Wykształcenie umiejętności prawidłowego i wydajnego wykorzystywania narzędzi bioinformatycznych do porównywania sekwencji biologicznych.
C5	Prezentacja podstawowych metod stosowanych do analizy danych pochodzących z wysokoprzepustowych technik biologii molekularnej.
C6	Przedstawienie metod wykorzystywanych do identyfikacji motywów w sekwencjach biologicznych.
C7	Przedstawienie metod wyszukiwania sekwencji spokrewnionych ewolucyjnie oraz wykształcenie umiejętności interpretacji otrzymywanych wyników.
C8	Przekazanie praktycznej wiedzy z zakresu analiz relacji filogenetycznych w oparciu o dane sekwencyjne.
C9	Prezentacja wybranych technik identyfikacji genów i ich opisu funkcjonalnego.
C10	Przekazanie wiedzy na temat podstaw modelowania struktury kwasów nukleinowych i białek.

## Wymagania wstępne

Znajomość podstawowych zagadnień z zakresu biologii molekularnej.

## Efekty uczenia się dla zajęć

Kod	Efekty uczenia się dla zajęć w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się dla zajęć
<b>Umiejętności – Student potrafi:</b>			
U1	przedstawić i scharakteryzować dostępne rodzaje danych biologicznych oraz ich zasobów.	BTE_K1_U01	Test
U2	dobierać właściwe techniki i strategie przeszukiwania biologicznych baz danych oraz eksplorować informacje zawarte w rekordach.	BTE_K1_U01	Test
U3	prawidłowo przeprowadzać analizę porównawczą dwóch lub większej liczby sekwencji biologicznych przy pomocy metod obliczeniowych.	BTE_K1_U01	Test
U4	stosować metody obliczeniowe do analizy danych pochodzących z wysokoprzepustowych technik biologii molekularnej.	BTE_K1_U01	Test
U5	prawidłowo przeprowadzać analizę z zakresu rekonstrukcji filogenetycznej w oparciu o dane sekwencyjne.	BTE_K1_U01	Test
U6	prawidłowo tworzyć opis funkcjonalny sekwencji genomowej w oparciu o poznane techniki obliczeniowe oraz dostępne zasoby danych biologicznych.	BTE_K1_U01	Test
U7	prawidłowo przeprowadzać podstawową analizę strukturalną kwasów nukleinowych i białek.	BTE_K1_U01	Test

## Treści programowe dla zajęć

Lp.	Treści programowe dla zajęć	Efekty uczenia się dla zajęć	Formy zajęć
1.	Przegląd biologicznych baz danych (pierwszorzędowych i drugorzędowych) oraz technik opisu (Bioontologie), wyszukiwania i pozyskiwania danych (NCBI Entrez).	U1, U2, U6	Wykład, Ćwiczenia
2.	Metody obliczeniowe stosowane do lokalnego i globalnego porównywania dwóch sekwencji (matryce punktowe, programowanie dynamiczne; tablice podstawień PAM i BLOSUM).	U3, U6	Wykład, Ćwiczenia
3.	Programy BLAST i FASTA oraz praktyczne aspekty przeszukiwania baz danych sekwencji biologicznych w oparciu o podobieństwo.	U2, U3, U6	Wykład, Ćwiczenia
4.	Przegląd metod obliczeniowych stosowanych do analizy danych sekwencyjnych pochodzących z wysokoprzepustowych eksperymentów biologii molekularnej.	U4	Wykład, Ćwiczenia
5.	Metody obliczeniowe stosowane do lokalnego i globalnego porównywania wielu sekwencji (metoda progresywna, metody iteracyjne, Ukryte Modele Markova).	U3	Wykład, Ćwiczenia
6.	Przegląd podstawowych metod służących do rekonstrukcji filogenetycznych (metoda maksymalnej parsymonii, metody oparte na odległościach oraz metody probabilistyczne).	U3, U5	Wykład, Ćwiczenia
7.	Podstawy analizy i adnotacji sekwencji genomowych (metody przewidywania sekwencji kodujących; oznaczenie funkcji biologicznej sekwencji przy pomocy narzędzi obliczeniowych oraz dostępnych baz danych).	U1, U2, U3, U6	Wykład, Ćwiczenia
8.	Podstawowe metody wizualizacji i przewidywania struktury kwasów nukleinowych oraz białek.	U7	Wykład, Ćwiczenia

## Informacje dodatkowe

Forma zajęć	Metody i formy prowadzenia zajęć
Wykład	Wykład z prezentacją multimedialną wybranych zagadnień
Ćwiczenia	Metoda analizy przypadków

Forma zajęć	Warunki zaliczenia zajęć
Wykład	<p>Warunkiem zaliczenia zajęć jest pozytywna ocena z testu.</p> <p>Kryteria oceny:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• bardzo dobry: student wykonał test w zakresie powyżej 90%.</li> <li>• dobry plus: student wykonał test w zakresie 81-90%.</li> <li>• dobry: student wykonał test w zakresie 71-80%.</li> <li>• dostateczny plus: student wykonał test w zakresie 61-70%.</li> <li>• dostateczny: student wykonał test w zakresie 51-60%.</li> <li>• niedostateczny: student wykonał test w zakresie poniżej 51% poprawnych odpowiedzi.</li> </ul>

Forma zajęć	Warunki zaliczenia zajęć
Ćwiczenia	Warunkiem zaliczenia zajęć jest pozytywna ocena z testu oraz oddanie prowadzącemu raportów z wszystkich zajęć laboratoryjnych. Kryteria oceny: <ul style="list-style-type: none"> <li>• bardzo dobry: student przygotował raporty z zajęć oraz poprawnie wykonał test w zakresie powyżej 90%.</li> <li>• dobry plus: student przygotował raporty z zajęć oraz poprawnie wykonał test w zakresie 81-90%.</li> <li>• dobry: student przygotował raporty z zajęć oraz poprawnie wykonał test w zakresie 71-80%.</li> <li>• dostateczny plus: student przygotował raporty z zajęć oraz poprawnie wykonał test w zakresie 61-70%.</li> <li>• dostateczny: student przygotował raporty z zajęć oraz poprawnie wykonał test w zakresie 51-60%.</li> <li>• niedostateczny: student nie przygotował raportów z zajęć lub wykonał test w zakresie poniżej 51% poprawnych odpowiedzi.</li> </ul>

## Literatura

### Obowiązkowa

1. Arthur M. Lesk "Introduction to Bioinformatics" Oxford University Press 2019

## Nakład pracy studenta i punkty ECTS

Rodzaje zajęć studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
Wykład	15
Ćwiczenia	15
Przygotowanie do zajęć	15
Przygotowanie raportu	15
<b>Łączny nakład pracy studenta</b>	<b>Liczba godzin</b> 60
<b>Liczba punktów ECTS</b>	<b>ECTS</b> 2

\* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

## Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
BTE_K1_U01	Absolwent potrafi stosować metody matematyczne, statystyczne i bioinformatyczne do opisu i analizy danych biologicznych