

## SYLABUS – OPIS ZAJĘĆ/PRZEDMIOTU

### I. Informacje ogólne

1. Nazwa zajęć/przedmiotu:

Bioinformatyka

2. Kod zajęć/przedmiotu:

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

4. Kierunek studiów: Biotechnologia, 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: 15 godzin

Ćwiczenia: 15 godzin

9. Liczba punktów ECTS: 3

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

prof. dr hab. Wojciech Karłowski, wmk@amu.edu.pl

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

dr hab. Patryk Konieczny, prk@amu.edu.pl

11. Język wykładowy: polski

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

### II. Informacje szczegółowe

1. Cele zajęć/przedmiotu

Celem modułu jest prezentacja podstaw teoretycznych oraz metod obliczeniowych wykorzystywanych do analiz danych biologicznych we współczesnej biologii molekularnej i biotechnologii. Program kształcenia obejmuje:

1. Przekazanie wiedzy na temat dostępnych zasobów oraz rodzajów danych biologicznych.

2. Przedstawienie technik i strategii przeszukiwania biologicznych baz danych.

4. Wykształcenie umiejętności analizy rekordów danych biologicznych.

5. Wykształcenie umiejętności prawidłowego i wydajnego wykorzystywania narzędzi bioinformatycznych do porównywania sekwencji biologicznych.

6. Prezentacja podstawowych metod stosowanych do analizy danych pochodzących z wysokoprzepustowych technik biologii molekularnej.

7. Przedstawienie metod wykorzystywanych do identyfikacji motywów w sekwencjach biologicznych.

8. Przedstawienie metod wyszukiwania sekwencji spokrewnionych ewolucyjnie oraz wykształcenie umiejętności interpretacji otrzymywanych wyników.

9. Przekazanie praktycznej wiedzy z zakresu analiz relacji filogenetycznych w oparciu o dane sekwencyjne.

10. Prezentacja wybranych technik identyfikacji genów i ich opisu funkcjonalnego.

11. Przekazanie wiedzy na temat podstaw modelowania struktury kwasów nukleinowych i białek.

2. Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności oraz kompetencji społecznych (jeśli obowiązują)  
Znajomość podstawowych zagadnień z zakresu biologii molekularnej.

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 przedstawić i scharakteryzować dostępne rodzaje danych biologicznych oraz ich zasobów.	K_W20, K_U05
Efekt_02	umie dobierać właściwe techniki i strategie przeszukiwania biologicznych baz danych oraz eksplorować informacje zawarte w rekordach.	K_W20, K_U05, K_U07, K_U08

Efekt_03	umie prawidłowo przeprowadzać analizę porównawczą dwóch lub większej liczby sekwencji biologicznych przy pomocy metod obliczeniowych.	K_W20, K_U07, K_U08, K_W04
Efekt_04	potrafi stosować metody obliczeniowe do analizy danych pochodzących z wysokoprzepustowych technik biologii molekularnej.	K_W20, K_U07
Efekt_05	umie prawidłowo przeprowadzać analizę z zakresu rekonstrukcji filogenetycznej w oparciu o dane sekwencyjne.	K_W20, K_W04, K_W12, K_U07
Efekt_06	potrafi prawidłowo stworzyć opis funkcjonalny sekwencji genomowej w oparciu o poznane techniki obliczeniowe oraz dostępne zasoby danych biologicznych.	K_W20, K_W04, K_U05, K_U07
Efekt_07	umie prawidłowo przeprowadzać podstawową analizę strukturalną kwasów nukleinowych i białek.	K_W20, K_U07

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
Przegląd biologicznych baz danych (pierwszorzędowych i drugorzędowych) oraz technik opisu (Bioontologie), wyszukiwania i pozyskiwania danych (NCBI Entrez).	Efekt_01, Efekt_02, Efekt_06
Metody obliczeniowe stosowane do lokalnego i globalnego porównywania dwóch sekwencji (matryce punktowe, programowanie dynamiczne; tablice podstawień PAM i BLOSUM).	Efekt_03, Efekt_06
Programy BLAST i FASTA oraz praktyczne aspekty przeszukiwania baz danych sekwencji biologicznych w oparciu o podobieństwo.	Efekt_02, Efekt_03, Efekt_06
Przegląd metod obliczeniowych stosowanych do analizy danych sekwencyjnych pochodzących z wysokoprzepustowych eksperymentów biologii molekularnej.	Efekt_04
Metody obliczeniowe stosowane do lokalnego i globalnego porównywania wielu sekwencji (metoda progresywna, metody iteracyjne, Ukryte Modele Markova).	Efekt_03
Przegląd podstawowych metod służących do rekonstrukcji filogenetycznych (metoda maksymalnej parsymonii, metody oparte na odległościach oraz metody probabilistyczne).	Efekt_05, Efekt_03
Podstawy analizy i adnotacji sekwencji genomowych (metody przewidywania sekwencji kodujących; oznaczenie funkcji biologicznej sekwencji przy pomocy narzędzi obliczeniowych oraz dostępnych baz danych).	Efekt_01, Efekt_02, Efekt_03, Efekt_06
Podstawowe metody wizualizacji i przewidywania struktury kwasów nukleinowych oraz białek.	Efekt_07

#### 5. Zalecana literatura

Wydawnictwa książkowe (wybrane fragmenty wskazane przez prowadzącego)

1. Baxevanis A. (red.), Ouellette B. (red.): Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins, Wiley, John & Sons, I, 2004.
2. Higgs P., Attwood T.: Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, 2011.

Artykuły w czasopismach

1. Hoffmann S. (2011): Computational analysis of high throughput sequencing data, Methods Mol Biol., 719:199-217.

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	
Praca z tekstem	
Metoda analizy przypadków	
Uczenie problemowe (Problem-based learning)	
Gra dydaktyczna/symulacyjna	
Rozwiązywanie zadań (np.: obliczeniowych, artystycznych, praktycznych)	TAK
Metoda ćwiczeniowa	
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 śniegowej”, 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
Egzamin pisemny							
Egzamin ustny							
Egzamin z „otwartą książką”							
Kolokwium pisemne							
Kolokwium ustne							
Test	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK
Projekt							
Esej							
Raport	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	
	studia stacjonarne	studia niestacjonarne
Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem	30	
Praca własna studenta		
Przygotowanie do zajęć	15	
Czytanie wskazanej literatury		
Przygotowanie pracy pisemnej, raportu, prezentacji, demonstracji, itp.	15	
Przygotowanie projektu		
Przygotowanie pracy semestralnej		
Przygotowanie do egzaminu / zaliczenia	30	
SUMA GODZIN	90	
LICZBA PUNKTÓW ECTS DLA MODUŁU ZAJĘĆ/PRZEDMIOTU	3	

### 4. Kryteria oceniania wg skali stosowanej w UAM

bardzo dobry (bdb; 5,0): Aktywny udział w zajęciach, zrealizowanie zadań w trakcie testu na poziomie poprawności 91 - 100% oraz zrealizowanie zadań teoretycznych i praktycznych podczas ćwiczeń na poziomie poprawności 91 - 100%

dobry plus (+db; 4,5): Aktywny udział w zajęciach, zrealizowanie zadań w trakcie testu na poziomie poprawności 81 - 90% oraz zrealizowanie zadań teoretycznych i praktycznych podczas ćwiczeń na poziomie poprawności 81 - 90%

dobry (db; 4,0): Aktywny udział w zajęciach, zrealizowanie zadań w trakcie testu na poziomie poprawności 71 - 80% oraz zrealizowanie zadań teoretycznych i praktycznych podczas ćwiczeń na poziomie poprawności 71 - 80%

dostateczny plus (+dst; 3,5): Aktywny udział w zajęciach, zrealizowanie zadań w trakcie testu na poziomie poprawności 61 - 70% oraz zrealizowanie zadań teoretycznych i praktycznych podczas ćwiczeń na poziomie poprawności 61 - 70%

dostateczny (dst; 3,0): Aktywny udział w zajęciach, zrealizowanie zadań w trakcie testu na poziomie poprawności 51 - 60% oraz zrealizowanie zadań teoretycznych i praktycznych podczas ćwiczeń na poziomie poprawności 51 - 60%

niedostateczny (ndst; 2,0): Aktywny udział w zajęciach, zrealizowanie zadań w trakcie testu na poziomie poprawności poniżej 50% oraz zrealizowanie zadań teoretycznych i praktycznych podczas ćwiczeń na poziomie poprawności poniżej 50%