



UNIwersYTET
IM. ADAMA MICKIEWICZA
W POZNANIU

Bioinformatyka

Sylabus zajęć

Informacje podstawowe

Kierunek studiów Biologia		Cykl dydaktyczny 2023/24
Specjalność -		Kod zajęć 01BIOS.18N.00004.23
Jednostka organizacyjna Wydział Biologii		Języki wykładowe polski
Poziom studiów studia pierwszego stopnia		Obligatoryjność Obowiązkowy
Forma studiów studia stacjonarne		Blok zajęciowy Przedmioty nieprzypisane
Profil studiów profil ogólnoakademicki		
Koordynator zajęć	Izabela Makałowska	
Prowadzący zajęcia	Izabela Makałowska, Magdalena Kubiak	
Okres Semestr 4	Forma zajęć / liczba godzin / forma zaliczenia • Wykład: 15, Zaliczenie z oceną • Ćwiczenia: 15, Zaliczenie z oceną	Liczba punktów ECTS 3

Cele kształcenia dla zajęć

Kod	Cel
C1	Zapoznanie z najważniejszymi bazami danych
C2	Zapoznanie z metodami i narzędziami do porównywania sekwencji nukleotydowych i białkowych
C3	Zapoznanie z technikami składania genomów i transkryptomów
C4	Zapoznanie z metodami i narzędziami identyfikacji genów w sekwencjach genomowych
C5	Zapoznanie z metodami adnotacji genów i przeglądarkami genomowymi
C6	Zapoznanie z podstawowymi metodami analizy białek
C7	Zapoznanie z podstawami analiz filogenetycznych

Wymagania wstępne

Podstawy genetyki molekularnej

Efekty uczenia się dla zajęć

Kod	Efekty uczenia się dla zajęć w zakresie	Efekty uczenia się dla kierunku	Metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się dla zajęć
Wiedzy - Student/ka:			
W1	zna i rozumie podejścia i problemy związane ze składaniem sekwencji	BIO_K1_W02, BIO_K1_W04	Kolokwium pisemne, Test
W2	zna i rozumie najważniejsze zastosowania technik bioinformatycznych w biologii	BIO_K1_W02	Kolokwium pisemne, Test
W3	zna i rozumie różnice pomiędzy poszczególnymi strategiami identyfikacji genów	BIO_K1_W02	Test
W4	zna i rozumie ewolucyjne podstawy analiza bioinformatycznych	BIO_K1_W04	Kolokwium pisemne, Test
Umiejętności - Student/ka:			
U1	potrafi przeszukiwać najważniejsze bazy danych i interpretować znajdujące się w nich informacje	BIO_K1_U03	Kolokwium pisemne, Test, Raport
U2	potrafi wykonać analizy porównawcze sekwencji nukleotydowych i białkowych, wyjaśnić ich podstawy i prawidłowo interpretować wyniki poznanych programów	BIO_K1_U01, BIO_K1_U02	Kolokwium pisemne, Test, Raport
U3	potrafi zaprojektować startery do reakcji PCR	BIO_K1_U02	Kolokwium pisemne, Raport
U4	potrafi zidentyfikować geny w sekwencji genomowej wykorzystując metody obliczeniowe	BIO_K1_U02	Kolokwium pisemne, Raport
U5	potrafi odszukać potrzebne informacje w przeglądarkach genomowych i wyjaśnić znaczenie poszczególnych adnotacji	BIO_K1_U02, BIO_K1_U03	Kolokwium pisemne, Test, Raport
U6	potrafi zidentyfikować sekwencje homologiczne, przygotować je do analizy filogenetycznej i skonstruować drzewo filogenetyczne	BIO_K1_U02	Kolokwium pisemne, Raport

Kod	Efekty uczenia się dla zajęć w zakresie	Efekty uczenia się dla kierunku	Metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się dla zajęć
U7	potrafi przeprowadzić podstawową analizę sekwencji białkowej i wykonać wizualizację struktury trzeciorzędowej na podstawie informacji z baz danych	BIO_K1_U02	Kolokwium pisemne, Raport
U8	potrafi przeprowadzić podstawową analizę danych RNA-seq: analiza jakości, składanie transkryptom, szacowanie poziomu ekspresji	BIO_K1_U02	Kolokwium pisemne, Test, Raport
Kompetencji społecznych - Student/ka:			
K1	jest gotowy/gotowa do aktualizowania wiedzy dotyczącej bioinformatycznych baz danych i narzędzi stosowanych w analizach sekwencji nukleotydowych i białkowych	BIO_K1_K01	Test

Treści programowe dla zajęć

Lp.	Treści programowe dla zajęć	Efekty uczenia się dla zajęć	Formy zajęć
1.	Bioinformatyka i jej zastosowania na przykładach badań medycznych, filogenetycznych, środowiskowych, kryminalistycznych	W2, W4, K1	Wykład
2.	Najważniejsze biologiczne bazy danych (BankGenów, Ensembl, SwissProt, OMIM, PDB), rodzaj deponowanych informacji, struktura rekordów	U1, K1	Wykład, Ćwiczenia
3.	Ewolucyjne podstawy i metody porównywania sekwencji nukleotydowych i białkowych, zasady działania programu BLAST, opcje i interpretacja wyników	W2, W4, U2	Wykład
4.	Identyfikacja genów homologicznych; projektowanie starterów PCR	U3	Ćwiczenia
5.	Strategie identyfikacji genów w sekwencjach genomowych, przykładowe programy, interpretacja wyników	W3, U4	Wykład, Ćwiczenia
6.	Najważniejsze przeglądarki genomowe (GenBank, UCSC, Ensembl); zawarte informacje i różnice w metodach adnotacji	U5	Ćwiczenia
7.	Metody składania sekwencji nukleotydowych, wpływ metody sekwencjonowania na strategię składania sekwencji; problemy związane ze składaniem sekwencji	W1, U8	Wykład, Ćwiczenia
8.	Podstawy konstruowania drzew filogenetycznych, programy do analiz filogenetycznych	W4, U6	Wykład, Ćwiczenia
9.	Analiza sekwencji białkowych: identyfikacja motywów, analiza funkcjonalna, wizualizacja struktury trzeciorzędowej	W2, W4, U7	Wykład, Ćwiczenia

Informacje dodatkowe

Forma zajęć	Metody i formy prowadzenia zajęć
Wykład	Wykład z prezentacją multimedialną wybranych zagadnień
Ćwiczenia	Rozwiązywanie zadań (np.: obliczeniowych, artystycznych, praktycznych), Metoda ćwiczeniowa

Forma zajęć	Warunki zaliczenia zajęć
Wykład	bardzo dobry (bdb; 5,0): Minimum 95% punktów na teście dobry plus (+db; 4,5): Minimum 85% punktów na teście dobry (db; 4,0): Minimum 75% punktów na teście dostateczny plus (+dst; 3,5): Minimum 65% punktów na teście dostateczny (dst; 3,0): Minimum 60% punktów na teście niedostateczny (ndst; 2,0): Poniżej 60% punktów na teście
Ćwiczenia	bardzo dobry (bdb; 5,0): Minimum 95% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty dobry plus (+db; 4,5): Minimum 85% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty dobry (db; 4,0): Minimum 75% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty dostateczny plus (+dst; 3,5): Minimum 65% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty dostateczny (dst; 3,0): Minimum 60% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty niedostateczny (ndst; 2,0): Poniżej 60% punktów na kolokwium, brak raportów

Literatura

Obowiązkowa

1. Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego
2. Wprowadzenie do bioinformatyki, Arthur Lesk, Wydanie 1, Warszawa 2019, Wydawnictwo Naukowe PWN

Dodatkowa

1. Baxevanis A.D., Ouellette B.F.: Bioinformatyka, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2004
2. Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood: Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2012

Nakład pracy studenta i punkty ECTS

Rodzaje zajęć studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
Wykład	15
Ćwiczenia	15
Przygotowanie do zajęć	10
Przygotowanie raportu	10
Czytanie wskazanej literatury	10
Przygotowanie do egzaminu	20
Przygotowanie do zaliczenia	10

Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 90
Liczba punktów ECTS	ECTS 3

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Efekty uczenia się dla kierunku

Kod	Treść
BIO_K1_K01	Absolwent/ka jest gotów/gotowa do stałego aktualizowania wiedzy z zakresu nauk biologicznych
BIO_K1_U01	Absolwent/ka potrafi dobierać i stosować techniki i narzędzia badawcze wykorzystywane w biologii doświadczalnej oraz w pracy terenowej w środowisku przyrodniczym
BIO_K1_U02	Absolwent/ka potrafi wykorzystywać narzędzia matematyczne, statystyczne i bioinformatyczne do opisu oraz interpretacji zjawisk i procesów biologicznych
BIO_K1_U03	Absolwent/ka potrafi samodzielnie wyszukiwać i analizować informacje pochodzące z różnych źródeł i wyciągać na tej podstawie wnioski
BIO_K1_W02	Absolwent/ka zna i rozumie podstawy matematyki oraz metody statystyczne i bioinformatyczne niezbędne w interpretacji zjawisk i procesów przyrodniczych oraz zasady ich wykorzystania
BIO_K1_W04	Absolwent/ka zna i rozumie reguły dziedziczenia posługując się opisem molekularnym i genetycznym, mechanizmy molekularne przepływu informacji genetycznej i regulacji jej ekspresji