



## KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Analiza danych genomicznych w środowisku Bioconductor

### Przedmiot

Kierunek studiów

Bioinformatyka

Studia w zakresie (specjalność)

Poziom studiów

drugiego stopnia

Forma studiów

stacjonarne

Rok/semestr

2/4

Profil studiów

ogólnoakademicki

Język oferowanego przedmiotu

polski

Wymagalność

obieralny

### Liczba godzin

Wykład

30

Ćwiczenia

Laboratoria

30

Projekty/seminaria

Inne (np. online)

### Liczba punktów ECTS

5

### Wykładowcy

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

dr hab. inż. Aleksandra Świercz

email: [aleksandra.swiercz@cs.put.poznan.pl](mailto:aleksandra.swiercz@cs.put.poznan.pl)

tel: 616653030

wydział: Wydział Informatyki i Telekomunikacji

adres: ul. Piotrowo 3 60-965 Poznań

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

### Wymagania wstępne

Osoba podejmująca studia na II stopniu Bioinformatyki powinna mieć osiągnięte efekty kształcenia z I stopnia tego kierunku studiów, zdefiniowane w Uchwale Senatu PP – efekty te prezentowane są w serwisie internetowym wydziału <http://www.cat.put.poznan.pl/>

Student rozpoczynający ten moduł powinien posiadać podstawową wiedzę z zakresu biologii molekularnej, genomiki i transkryptomiki, a także programowania, statystyki i analizy bioinformatycznej sekwencji biologicznych. Powinien posiadać umiejętność rozwiązywania podstawowych problemów biologicznych i bioinformatycznych, testowania i poprawiania błędów w zaimplementowanych przez siebie programach oraz pozyskiwania informacji ze wskazanych źródeł i korzystania z baz danych.

Ponadto w zakresie kompetencji społecznych student musi prezentować takie postawy, jak uczciwość, odpowiedzialność, wytrwałość, ciekawość poznawcza, kreatywność, kultura osobista, szacunek dla innych ludzi.



### Cel przedmiotu

1. Przekazanie studentom podstawowej wiedzy na temat środowiska Bioconductor, a w szczególności: struktury i typów danych, dostępnych pakietów, możliwości analizy i graficznej wizualizacji danych
2. Zapoznanie studentów z aktualnym zestawem pakietów Bioconductor, ich przeznaczeniem oraz przykładami wykorzystania, z ukierunkowaniem na omówienie podejść analitycznych w genomice
3. Rozwijanie u studentów umiejętności rozwiązywania problemów z zakresu analizy danych genomicznych w środowisku Bioconductor, wyboru i zastosowania narzędzi oraz pakietów Bioconductor do analizy wybranych typów danych biologicznych, a także zastosowania graficznej wizualizacji danych do wspomagania analizy i interpretacji wyników.

### Przedmiotowe efekty uczenia się

#### Wiedza

1. Ma uporządkowaną, podbudowaną teoretycznie wiedzę w zakresie środowiska Bioconductor oraz zastosowania wybranych pakietów do analiz w skali genomowej (K\_W07)
2. Ma wiedzę o zastosowaniach pakietów Bioconductor do analizy bioinformatycznej i integracji różnych typów danych genomicznych oraz wizualizacji danych biologicznych (K\_W13)
3. Zna zastosowania pakietów Bioconductor do analizy danych genetycznych w medycynie (K\_W14)
4. Zna zasady planowania badań z zakresu bioinformatyki (K\_W15)

#### Umiejętności

1. Potrafi pozyskać dane źródłowe opisane w publikacjach naukowych (np. wyniki analiz genomicznych) oraz w sposób zintegrowany pozyskiwać z różnych źródeł i interpretować informacje na ich temat (np. adnotacje funkcjonalne, ścieżki powiązań) (K\_U01)
2. Potrafi wskazać odpowiedni pakiet środowiska Bioconductor do typowych analiz danych genomicznych oraz zastosować je w praktyce (K\_U04)
3. Potrafi kompleksowo zaplanować i przeprowadzić ścieżkę analizy danych genomicznych poprzez połączenie uzupełniających się narzędzi Bioconductor (K\_U05)
4. Wykorzystuje środowisko Bioconductor do przetworzenia danych genomicznych i statystycznej analizy wyników (K\_U06)
5. Przygotowuje w języku polskim i angielskim prezentację wyników prac badawczych, dyskutuje uzyskane wyniki w kontekście istniejącej wiedzy naukowej (K\_U07)
6. Formułuje i testuje hipotezy związane z problemami bioinformatycznymi. (K\_U12)

#### Kompetencje społeczne

1. Potrafi współdziałać i pracować w grupie, przyjmując w niej różne role. (K\_K02)
2. Potrafi odpowiednio określić priorytety służące realizacji zadania określonego przez siebie lub innych. (K\_K03)



3. Wykazuję twórczą postawę w życiu zawodowym i społecznym. (K\_K09)

### Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Ocena formująca

a) w zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

- na podstawie aktywności w dyskusji na temat omawianego materiału;

b) w zakresie laboratoriów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

- na podstawie oceny bieżącego postępu realizacji zadań;

Ocena podsumowująca

a) w zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

- kolokwium pisemne składające się z 5 pytań / zadań problemowych - każde zadanie punktowane 0-4 pkt (zadania mogą składać się z kilku podpunktów – za każdy podpunkt jest wówczas wyznaczona punktacja częściowa). Aby uzyskać zaliczenie należy zdobyć co najmniej 11 punktów. W przypadku nieobecności na więcej niż 1/3 odbytych wykładów zaliczenie wykładu będzie wymagało dodatkowo wykonania opracowania w formie pisemnej problemu z zakresu objętego tematyką wykładów, wskazanego przez prowadzącego i uzyskania pozytywnej oceny za to opracowanie

b) w zakresie laboratoriów / ćwiczeń weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

- ocena końcowa stanowi średnią oceny z opracowania i przedstawienia wybranego pakietu / grupy pakietów oraz ocen za wykonanie poszczególnych ćwiczeń praktycznych z zakresu analizy danych w Bioconductor w trakcie semestru. Za każde ćwiczenie / opracowanie można otrzymać maksymalnie 5 punktów (3 pkt = ocena dst; 4 pkt = ocena db, 5 pkt = ocena bdb)

### Treści programowe

Przedmiot poświęcony jest teoretycznemu i praktycznemu przedstawieniu pakietu Bioconductor, dedykowanego analizie oraz wizualizacji danych biologicznych, dostępnego bezpłatnie na otwartej licencji GPL. W ramach wykładów omówione zostaną następujące zagadnienia: wprowadzenie do Bioconductor / utrwalenie wiedzy nt. typów zmiennych i operacjach na nich; wczytywania i zapisywania danych z/ do różnych formatów i programów zewnętrznych; przetwarzania danych i tworzenia raportów; integracji z innymi programami, wybranych procedur statystycznych w R; przegląd i instalacja dostępnych edytorów przegląd przydatnych zasobów internetowych; omówienie aktualnego zasobu dostępnych pakietów i ich zastosowań, poznanie i praca z wybranymi bibliotekami umożliwiającymi analizę i wizualizację danych genomowych. Zagadnienia będą ilustrowane przykładami z literatury naukowej. Laboratoria polegają na analizie prac naukowych oraz na analizie danych biologicznych i biomedycznych, z nastawieniem na poznanie możliwości pakietów omawianych w części wykładowej i ich zastosowań. Zakres omawianych pakietów jest aktualizowany tak, aby uwzględniać najnowsze osiągnięcia i trendy w genomice. Ponadto każdy student wybiera, opracowuje i prezentuje pakiet / grupę pakietów oraz jego możliwości, wg scenariusza uzgodnionego z prowadzącym przedmiot.



## Metody dydaktyczne

Wykład ilustrowany prezentacją multimedialną zawierającą omawiane treści programowe, wzbogacone przykładami;

Laboratoria: ćwiczenia praktyczne z zakresu analizy danych w Bioconductor, praca z pakietami R, praca grupowa, dyskusja i analiza problemów

## Literatura

Podstawowa

Biecek P. „Przetwarzanie danych w programie R”; epub; <http://biecek.pl/R/>

Biecek P. „Wizualizacja i modelowanie”; epub; <http://biecek.pl/R/>

Uzupełniająca

1. Biecek P. Przewodnik po pakiecie R. Oficyna Wydawnicza GiS 2017 (wydanie 4), ISBN 978-83-89020-79-6

Górecki T. Podstawy statystyki z przykładami w R. Wydawnictwo BTC 2011, ISBN 978-83-60233-69-6.

## Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	125	5,0
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	65	2,5
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do ćwiczeń, przygotowanie do kolokwium, wykonanie pracy kontrolnej) <sup>1</sup>	60	2,5

<sup>1</sup> niepotrzebne skreślić lub dopisać inne czynności