



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Bioinformatyka

Przedmiot

Kierunek studiów

Edukacja Techniczno Informatyczna

Studia w zakresie (specjalność)

Poziom studiów

drugiego stopnia

Forma studiów

stacjonarne

Rok/semestr

1/2

Profil studiów

ogólnoakademicki

Język oferowanego przedmiotu

polski

Wymagalność

obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład

15

Ćwiczenia

Laboratoria

15

Projekty/seminaria

Inne (np. online)

Liczba punktów ECTS

3

Wykładowcy

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

dr Luiza Handschuh

luizahan@ibch.poznan.pl

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

Wymagania wstępne

Podstawy biologii (na poziomie szkoły średniej), podstawowe umiejętności informatyczne, podstawy programowania, gotowość do wykraczania poza granice własnej dziedziny nauki, umiejętność twórczego myślenia.

Cel przedmiotu

Zapoznanie studenta z podstawowymi zagadnieniami z zakresu bioinformatyki, możliwościami wykorzystywania metod informatycznych do rozwiązywania problemów biologicznych oraz przedstawienie wyzwań, przed jakimi staje bioinformatyka w obliczu dynamicznego przyrostu dużych zbiorów danych.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza

Po zakończeniu zajęć student będzie dysponował podstawową, usystematyzowaną wiedzą z zakresu bioinformatyki, będzie znał najważniejsze biologiczne bazy danych, formaty danych oraz narzędzia służące do analizy danych biologicznych.



Umiejętności

Student będzie potrafił przeszukiwać biologiczne bazy danych w celu znalezienia informacji na temat konkretnych genów, białek i procesów biologicznych, będzie także umiał korzystać z podstawowych narzędzi do przetwarzania i wizualizacji danych biologicznych. Będzie wiedział w jaki sposób samodzielnie poszerzać swoją wiedzę i umiejętności praktyczne w dziedzinie bioinformatyki.

Kompetencje społeczne

Student będzie miał świadomość, że bioinformatyka jest dziedziną o ogromnym potencjale, dynamicznie rozwijającą się oraz znał możliwości wykorzystania wiedzy i umiejętności informatycznych w biologii i medycynie. Będzie miał również świadomość, że rozwiązywanie problemów biologicznych wymaga nie tylko wiedzy i znajomości narzędzi, ale także twórczego podejścia i dyskusji ze specjalistami z różnych dziedzin nauki.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Zagadnienia omawiane podczas wykładów będą weryfikowane w trakcie zajęć laboratoryjnych poprzez wykonywanie zadań wymagających umiejętności przeszukiwania biologicznych baz danych oraz korzystania z narzędzi informatycznych do analizy i wizualizacji danych biologicznych. Uczestnictwo w wykładach będzie premiowane, podobnie jak aktywna praca podczas zajęć laboratoryjnych. Podstawą do zaliczenia laboratoriów będzie wykonanie projektu na zadany temat, przy wykorzystaniu baz danych i narzędzi poznanych podczas zajęć (możliwa będzie praca w 2-3-osobowych grupach). Egzamin będzie miał formę praktyczną - student będzie mógł korzystać z komputera i wszelkich dostępnych zasobów internetowych do rozwiązania zadań egzaminacyjnych.

Treści programowe

Przepływ informacji genetycznej, podstawy genomiki, sekwencjonowanie genomów, biologiczne bazy danych, wyzwania i przykłady zastosowań bioinformatyki, metody przetwarzania dużych danych, formaty danych, narzędzia do analizy sekwencji DNA oraz przewidywania struktur RNA i białek, podstawy statystyki i pracy w środowisku R Bioconductor. Poszczególne zagadnienia będą omawiane na przykładach z dziedziny genomiki człowieka, biomedycyny, onkologii i epidemiologii.

Metody dydaktyczne

Wykłady będą miały formę prezentacji bogato ilustrowanej przykładami zastosowań bioinformatyki. Praktyczne umiejętności korzystania z prezentowanych treści będą kształtowane podczas zajęć laboratoryjnych, kiedy studenci będą mieli okazję samodzielnie eksplorować bazy danych i stosować różne metody analizy danych biologicznych w celu rozwiązania konkretnych problemów. Zarówno podczas wykładów jak i laboratoriów możliwa będzie interakcja z wykładowcą w formie dyskusji na temat omawianych zagadnień.

Literatura

Podstawowa

"Wprowadzenie do bioinformatyki", Arthur Lesk, wyd. PWN, Warszawa 2020 lub 2019



"Podstawy bioinformatyki", Jin Xiong, wyd. UW, 2011 lub 2009

"Bioinformatyka i ewolucja molekularna", Teresa K. Attword, Paul G. Higgs, wyd. PWN, Warszawa 2011 lub 2008

"Introduction to bioinformatics", Magdalena Tkacz, Tadeusz Wilczok, wyd. UŚ, 2009

Uzupełniająca

"Bioinformatics and functional genomics", Jonathan Pevsner, wyd. Wiley-Blackwell, 2015

"Bioinformatyka: podręcznik do analizy genów i białek", pod red. A. D. Baxevanisa i B. F. F. Ouellette'a, wyd. PWN, 2005

"Przewodnik po pakiecie R", Przemysław Biecek, wyd. GIS, 2017 lub wcześniejsze (do 2008)

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	45	3,0
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	30	2,0
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwium/egzaminu, wykonanie projektu) ¹	15	1,0

¹ niepotrzebne skreślić lub dopisać inne czynności