

KARTA PRZEDMIOTU

Nazwa przedmiotu: **Wprowadzenie do bioinformatyki (BioPS>SIs3WB23O)**

Nazwa w języku polskim:

Nazwa w jęz. angielskim: **Introduction to bioinformatics**

Dane dotyczące przedmiotu:

Jednostka oferująca przedmiot: Wydział Inżynierii Środowiska i Energetyki

Przedmiot dla jednostki: Wydział Inżynierii Środowiska i Energetyki

Domyślny typ protokołu dla przedmiotu:

ZAL

Język wykładowy:

polski

Strona WWW:

<https://platforma2.polsl.pl/rau1/course/view.php?id=503>

Skrócony opis:

Celem przedmiotu jest zapoznanie studentów z podstawami bioinformatyki — interdyscyplinarnej dziedziny łączącej informatykę, biologię molekularną oraz analizę danych. Omawiane są kluczowe pojęcia, metody pomiarowe stosowane w biologii wysokoprzepustowej (genomika, transkryptomika, proteomika), typy danych biologicznych oraz algorytmy wykorzystywane do ich analizy. Studenci poznają również popularne narzędzia i bazy danych bioinformatycznych, a także schematy analizy danych biomedycznych. Zajęcia laboratoryjne umożliwiają praktyczne zastosowanie wiedzy poprzez analizę sekwencji, identyfikację markerów molekularnych, wizualizację danych oraz pracę z platformami do kompleksowej analizy danych.

forma zajęć: kontaktowe

Opis:

ECTS: 2

suma godzin: 60h (kontaktowa 30h / praca własna 30h)

Wykład: 15h

Laboratoria: 15h

Praca własna studenta: przygotowanie sprawozdań, przygotowanie do kartkówek i kolokwium

Wykłady:

1. Wprowadzenie

- Wprowadzenie do biologii molekularnej oraz stosowanych przez nią metod pomiarowych, pojęcia High-Throughput i Big Data
- Pojęcie bioinformatyki oraz jej powiązanie z innymi dziedzinami nauki
- Podstawowe problemy analizy danych podejmowane przez bioinformatykę
- Zastosowania bioinformatyki (analiza, przesyłanie, przechowywanie i katalogowanie danych)
- Historia rozwoju oraz największe osiągnięcia bioinformatyki

2. Metody pomiarowe oraz typy danych

- Metody pomiarowe stosowane w genomice i transkryptomice (techniki oparte o mikromacierze i sekwencjonowanie)
- Metody pomiarowe stosowane w proteomice, glikomice oraz metabolomice (spektrometria mas, chromatografia, mikromacierze RPPA, rezonans magnetyczny)

3. Algorytmy bioinformatyczne

- Klasyfikacja algorytmów oraz sposoby ich integracji
- Analiza sekwencji genów i białek (poszukiwanie motywów, podobieństwa między sekwencjami)
- Analiza struktury drugo- i trzeciorzędowej (DNA, RNA, białka)
- Filogenetyka (poszukiwanie zależności pomiędzy organizmami)
- Genotypowanie (poszukiwanie zależności między genotypem a fenotypem - GWAS)
- Identyfikacja markerów genetycznych (analiza ekspresji genów na poziomie RNA i białek)
- Analiza obrazów biomedycznych (mikroskopia, rezonans magnetyczny, tomografia)
- Przechowywanie oraz przeszukiwanie danych biologicznych

4. Narzędzia bioinformatyczne

- Rodzaje narzędzi oraz przegląd najpopularniejszych środowisk programistycznych (Bioconductor, BioPerl, Biopython)
- Systemy kompleksowej analizy danych i tworzenia schematów analizy (Galaxy, Taverna, GenePattern)
- Najpopularniejsze narzędzia bioinformatyczne
- Wizualizacja wyników analizy danych biomedycznych

5. Bioinformatyczne bazy danych

- Podział baz danych ze względu na zastosowanie
- Najpopularniejsze bazy danych
- Metody dostępu oraz integracji danych (interfejsy bazodanowe, serwery usług internetowych)
- Aktualizacje i wersjonowanie danych referencyjnych
- Problemy związane z wykorzystaniem danych biologicznych (niejednorodność oznaczeń, redundancja)

6. Bioinformatyczna analiza danych

- Przykładowe schematy analizy danych
- Metody kontrolowania poprawności wykonania eksperymentu i analizy danych
- Omówienie specyficznych schematów analizy na przykładzie poszukiwania mutacji somatycznych oraz analizy profilu ekspresji genów

Laboratoria:

1. Identyfikacja markerów molekularnych
2. Badanie sekwencji nukleotydowych
3. Praca z systemami kompleksowej analizy danych
4. Wizualizacja danych biomedycznych

Literatura:

Polanski A., Kimmel M. Bioinformatics. Springer, 2007

Higgs Paul G., Attwood Teresa K. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2016

Xiong J. Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2011

Higgins D., Taylor W. Bioinformatics: Sequence, structure, and databanks. Oxford University Press, Oxford, 2000

Efekty uczenia się:

Wiedza

Student zna i rozumie:

K1A_W1 - Zaawansowane zagadnienia w zakresie matematyki, fizyki oraz innych obszarów nauki oraz dyscyplin inżyniersko-technicznych, do których przyporządkowano kierunek biotechnologia, przydatne do formułowania i rozwiązywania typowych zadań badawczych i inżynierskich.

K1A_W8 - W zaawansowanym stopniu zagadnienia z zakresu biotechnologii przemysłowej, w tym farmaceutycznej, środowiskowej, biogospodarki oraz bioinformatyki (w zależności od wybranego zakresu dyplomowania) obejmujące zagadnienia z zakresu: organizacji, zarządzania i funkcjonowania sieci komputerowych oraz zagadnienia z zakresu przetwarzania informacji w analizie danych biologicznych, biomedycznych i biotechnologicznych; biologicznych metod ochrony środowiska i biogospodarki obiegu zamkniętego; związane ze związkami naturalnymi, biologicznie aktywnymi w tym biofarmaceutykami, biokatalizę, biotransformacjami i ich zastosowaniem w bioprocessach.

Umiejętności

Student potrafi:

K1A_U1 - Identyfikować, formułować i rozwiązywać złożone oraz nietypowe problemy inżynierskie związane z biotechnologią przez zastosowanie zasad inżynierii, nauki i matematyki, a także wykonywać zadania w warunkach nie w pełni przewidywalnych.

Metody i kryteria oceniania:

Zasady oceniania

1. Ocena końcowa z zajęć stanowi średnią arytmetyczną ocen ze wszystkich złożonych sprawozdań.
2. Ocena końcowa może zostać skorygowana na podstawie liczby punktów uzyskanych z kartkówki lub kolokwium obejmujących materiał z wykładów, zgodnie z następującymi zasadami:
 - a) 0–5 punktów – obniżenie oceny końcowej o 0,5;
 - b) 6–10 punktów – brak zmiany oceny końcowej;
 - c) 11–15 punktów – podwyższenie oceny końcowej o 0,5.
3. Korekta, o której mowa w pkt. 2, nie może skutkować obniżeniem oceny końcowej poniżej 3.0 ani podwyższeniem jej powyżej 5.0.
4. Warunkiem uzyskania oceny pozytywnej z zajęć jest otrzymanie za każde złożone sprawozdanie oceny nie niższej niż 3.0.

Sylabus obowiązuje od semestru zimowego roku akademickiego 2025/2026, a jego zawartość nie podlega zmianom w trakcie trwania semestru.

Praktyki zawodowe:

-

Punkty przedmiotu w cyklach:

<bez przypisanego programu>

| Typ punktów | Liczba | Cykl pocz. | Cykl kon. |
|--|--------|-------------|-----------|
| Europejski System Transferu Punktów (ECTS) | 2 | 2024/2025-Z | |