

**SYLABUS**  
**DOTYCZY CYKLU KSZTAŁCENIA 2022-2026**  
Rok akademicki 2025/2026

**1. PODSTAWOWE INFORMACJE O PRZEDMIOCIE**

Nazwa przedmiotu	<i>przedmiot obieralny 2: bioinformatyka</i>
Kod przedmiotu	
Nazwa jednostki prowadzącej kierunek	<i>Kolegium Nauk Przyrodniczych</i>
Nazwa jednostki realizującej przedmiot	<i>Kolegium Nauk Przyrodniczych</i>
Kierunek studiów	<i>informatyka</i>
Poziom studiów	<i>studia I stopnia</i>
Profil	<i>ogólnoakademicki</i>
Forma studiów	<i>stacjonarne</i>
Rok i semestr/y studiów	<i>rok IV, semestr 7</i>
Rodzaj przedmiotu	<i>przedmiot kierunkowy inżynierski, obieralny</i>
Język wykładowy	<i>polski</i>
Koordinator	<i>dr hab. Jan Bazan, prof. UR</i>
Imię i nazwisko osoby prowadzącej / osób prowadzących	<i>dr hab. Jan Bazan, prof. UR</i>

**1.1. Formy zajęć dydaktycznych, wymiar godzin i punktów ECTS**

Semestr (nr)	Wykł.	Ćw.	Konw.	Lab.	Sem.	ZP	Prakt.	Inne (jakie?)	Liczba pkt. ECTS
7	10			10					2

**1.2. Sposób realizacji zajęć**

zajęcia w formie tradycyjnej

**1.3 Forma zaliczenia przedmiotu (z toku)**

zaliczenie z oceną

**2. WYMAGANIA WSTĘPNE**

Wiedza w zakresie metod probabilistycznych i statystyki, algorytmów i złożoności oraz sztucznej inteligencji w zakresie uczenia maszynowego, umiejętność programowania w tym w języku Python.

### 3. CELE, EFEKTY UCZENIA SIĘ, TREŚCI PROGRAMOWE I STOSOWANE METODY DYDAKTYCZNE

#### 3.1 Cele przedmiotu

C <sub>1</sub>	Zapoznanie studentów z podstawowymi zadaniami, metodami i algorytmami współczesnej bioinformatyki.
C <sub>2</sub>	Prezentacja głównych narzędzi i środowisk programistycznych wykorzystywanych w bioinformatyce.
C <sub>3</sub>	Wykształcenie zdolności interpretacji wyników uzyskanych za pomocą metod i algorytmów bioinformatycznych.

#### 3.2 Efekty uczenia się dla przedmiotu

EK (efekt uczenia się)	Treść efektu uczenia się zdefiniowanego dla przedmiotu	Odniesienie do efektów kierunkowych
EK_01	Zna zakres dziedzinowy bioinformatyki oraz wybrane problemy z tego zakresu. Do wybranych problemów zna metody i algorytmy ich rozwiązywania.	K_W07
EK_02	Potrafi wykorzystać specjalistyczne narzędzia oraz środowiska programistyczne do rozwiązywania poznanych problemów bioinformatycznych.	K_U20
EK_03	Potrafi zinterpretować (ocenić) otrzymane wyniki.	K_U21

#### 3.3 Treści programowe

##### A. Problematyka wykładu

Wprowadzenie do zagadnień bioinformatycznych.
Metody analizy i przetwarzania sekwencji kwasów nukleinowych.
Metody predykcji genów w kwasach nukleinowych.
Algorytm wyznaczania map restrykcyjnych.
Metody poszukiwania wzorców w sekwencjach (motif finding) oraz projektowania primerów do reakcji PCR.
Algorytmy grupowania i ich zastosowanie w analizie ekspresji genów.

##### B. Problematyka ćwiczeń laboratoryjnych

Analiza ilościowa składu sekwencji kwasów nukleinowych, podstawowe statystyki, translacja, konwersja formatów, generowanie sekwencji losowych. Wyszukiwanie sekwencji wektorowych, repetytywnych i kodujących białka w kwasach nukleinowych.
Zastosowanie metod bioinformatycznych do predykcji genów w kwasach nukleinowych.
Zastosowanie algorytmu do wyznaczenia mapy restrykcyjnej.
Poszukiwanie wzorców w sekwencjach. Projektowanie primerów do PCR.
Grupowanie genów.

### 3.4 Metody dydaktyczne

Wykład: wykład z prezentacją multimedialną

Ćwiczenia laboratoryjne: praca w grupach i indywidualna.

## 4. METODY I KRYTERIA OCENY

### 4.1 Sposoby weryfikacji efektów uczenia się

Symbol efektu	Metody oceny efektów uczenia się (np.: kolokwium, egzamin ustny, egzamin pisemny, projekt, sprawozdanie, obserwacja w trakcie zajęć)	Forma zajęć dydaktycznych (w, ćw, ...)
EK_01	test zaliczeniowy	wykład
EK_02	projekt	laboratorium
EK_03	dokumentacja projektu	laboratorium

### 4.2 Warunki zaliczenia przedmiotu (kryteria oceniania)

Test wiedzy obejmuje znajomość zagadnień omówionych na wykładzie. Próg zaliczenia zostaje ustalony na 50%.

Zaliczenie z laboratorium odbywa się na podstawie projektu realizowanego na zajęciach pod opieką Nauczyciela a także częściowo jako pracę domową. Samodzielność i zaangażowanie w realizację projektu oceniane jest na bieżąco w trakcie zajęć. Wykonanemu projektowi towarzyszy dokumentacja, która także jest oceniana. Średnia ocena z projektu i jego dokumentacji stanowi ocenę końcową z laboratoriów. Aby otrzymać ocenę pozytywną niezbędne jest otrzymanie ocen pozytywnych z obu składowych oceny końcowej.

## 5. CAŁKOWITY NAKŁAD PRACY STUDENTA POTRZEBNY DO OSIĄGNIĘCIA ZAŁOŻONYCH EFEKTÓW W GODZINACH ORAZ PUNKTACH ECTS

Forma aktywności	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności
Godziny z harmonogramu studiów	20
Inne z udziałem nauczyciela akademickiego (udział w konsultacjach, egzaminie)	3
Godziny niekontaktowe – praca własna studenta (przygotowanie do zajęć, egzaminu, napisanie referatu itp.)	30
<b>SUMA GODZIN</b>	<b>53</b>
<b>SUMARYCZNA LICZBA PUNKTÓW ECTS</b>	<b>2</b>

## 6. PRAKTYKI ZAWODOWE W RAMACH PRZEDMIOTU

wymiar godzinowy	-
zasady i formy odbywania praktyk	-

## 7. LITERATURA

### Literatura podstawowa:

1. Xiong J.: „Podstawy bioinformatyki”, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, 2009.
2. Baxevanis A.D., Ouellette B.F.F.: "Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek", Wydawnictwo PWN, 2004.
3. Higgs P.G., Attwood T.K." "Bioinformatyka i ewolucja molekularna", Wydawnictwo PWN, 2008.

### Literatura uzupełniająca:

1. Tkacz M., Wilczok T.: „Introduction to bioinformatics”. Institute of Computer Science. University of Silesia, Katowice 2009.
2. Tisdall J.: "Beginning Perl for Bioinformatics", O'Reilly, 2001.
3. Jones N. C., Pevzner P.: "An introduction to bioinformatics algorithms", MIT Press, 2004.