

## Informacje podstawowe

|                                                                      |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
|----------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Nazwa przedmiotu                                                     | Bioinformatyka                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Prowadzący                                                           | dr Piotr Mędrzycki                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| Wydział                                                              | Wydział Biologii i Nauk o Środowisku                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| Kierunek                                                             | Biotechnologia                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Poziom studiów                                                       | I stopień                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| Profil studiów                                                       | ogólnoakademicki                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| Forma studiów                                                        | stacjonarne                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
| Moduł specjalnościowy/ścieżka<br>(jeśli dotyczy)                     | -                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
| Dyscyplina naukowa, do której<br>odnoszą się efekty uczenia się      | nauki chemiczne                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| Przedmiot obowiązuje od roku<br>akademickiego                        | 2024/2025                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| Rok studiów                                                          | I                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
| Semestr                                                              | II                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| Język wykładowy                                                      | polski                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
| Status przedmiotu<br>(obowiązkowy, obowiązkowy z<br>grupy do wyboru) | obowiązkowy                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
| Odniesienie do kierunkowych<br>efektów uczenia się (symbole)         | Ćwiczenia: BIO1_U04                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| Rodzaj zajęć                                                         | Ćwiczenia                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| Liczba godzin                                                        | Ćwiczenia: 30h                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Liczba ECTS                                                          | Ćwiczenia: 2                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
| Wymagania wstępne                                                    | Umiejętność obsługi komputera oraz wstępna wiedza z zakresu biologii molekularnej, biochemii, rachunku prawdopodobieństwa na poziomie szkoły średniej, znajomość zasad odpowiedzialnego korzystania ze wsparcia systemów AI (np. Gemini)                                                                                    |
| Opis i cele przedmiotu                                               | Celem przedmiotu jest opanowanie praktycznych umiejętności analizy danych biologicznych w środowisku R/Bioconductor. Kurs realizowany jest w modelu uczenia przez działanie, łączącym przyswajanie wiedzy i analizę przypadków z naśladowaniem procesu badawczego przy kontrolowanym wsparciu narzędzi AI (Gemini/ChatGPT). |

## Treści programowe – ćwiczenia

|    | Temat/blok zajęć:                                                                                                                                                                                                                                                | Liczba godzin |
|----|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------|
| 1. | C 1/2. Fundamenty inżynierii danych: Architektura struktur danych i wektoryzacja obliczeń w środowisku R. Metody sanityzacji, walidacji logicznej oraz standaryzacji surowych danych biotechnologicznych.                                                        | 4             |
| 2. | C 3/4. Eksploracja i wizualizacja: Łączenie tabel danych i transformacja ich układu w celu zaawansowanej wizualizacji z użyciem pakietu ggplot2. Wprowadzenie do struktur Bioconductor: import plików sekwencyjnych (FASTA) i ocena jakości danych..             | 4             |
| 3. | C 5/6. Inżynieria statystyczna: Dobór i weryfikacja hipotez badawczych (testy parametryczne) oraz analiza ilościowych zależności procesowych (krzywe wzorcowe) z wykorzystaniem automatyzacji obliczeń (pętle).                                                  | 4             |
| 4. | C 7/8. Bioinformatyka sekwencji: Algorytmy biologiczne: translacja in silico, obliczanie parametrów fizykochemicznych białek oraz analiza podobieństwa sekwencji (MSA) i rekonstrukcja drzew filogenetycznych.                                                   | 4             |
| 5. | C 9/10. Transkryptomika obliczeniowa: Analiza RNA-seq: od normalizacji i identyfikacji genów zmienionych (DEA) po biologiczną interpretację wzbogacenia szlaków metabolicznych (GO/KEGG).                                                                        | 4             |
| 6. | C 11/12. Genomika strukturalna i warianty: Operacje na współrzędnych genomowych (mapowanie regionów) oraz identyfikacja i klasyfikacja wariantów genetycznych (SNP/Indel) na podstawie plików referencyjnych.                                                    | 4             |
| 7. | C 13/14/15. Integracja analiz omicznych - Projekt finałowy – samodzielne zaplanowanie i przeprowadzenie procesu analitycznego: od importu i sanityzacji zasumionych danych, przez analizę statystyczną, aż po generowanie raportu końcowego dla klienta/pacjenta | 6             |
|    | Łącznie godzin:                                                                                                                                                                                                                                                  | 30            |

## Opis przedmiotowych efektów uczenia się i sposoby ich weryfikacji

| Symbol efektu | <u>Kierunkowe</u><br>efekty uczenia się<br><br>(zgodne z programem na BIPUKSW)<br><br><i>Absolwent...</i> | <u>Opis przedmiotowych</u><br>efektów uczenia się<br><i>Student...</i><br><br>(wyłącznie czasownikami operacyjnymi - czynności, które da się zweryfikować, mierzalne; w nawiasie należy podać numery tematów zajęć, które realizują dany efekt)<br><br><i>Student...</i> | Sposoby weryfikacji efektów uczenia się<br>(np.: kolokwium pisemne, egzamin ustny, egzamin pisemny, sprawozdanie, prezentacja na |
|---------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|---------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

|          | <i>(zna i rozumie/potrafi/jest gotów)</i>                                |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | <i>zajęciach, raport, projekt indywidualny, grupowy..)</i> |
|----------|--------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------|
| BIO1_U04 | potrafi wykorzystać oprogramowanie komputerowe w obszarze biotechnologii | 1. Konstruuje struktury danych w R i dokonuje selekcji informacji z surowych danych biotechnologicznych na podstawie zdefiniowanych kryteriów jakości (C1-2)<br>2. Integruje dane biomedyczne z wielu źródeł i tworzy ich zaawansowaną reprezentację graficzną (C 2-3).<br>3. Stosuje testy statystyczne do danych eksperymentalnych i analizuje ilościowe zależności między zmiennymi procesowymi (C 3-4).<br>4. Przetwarza sekwencje molekularne (DNA/białko) w celu określenia ich właściwości fizykochemicznych lub pokrewieństwa (C 5-6).<br>5. Przeprowadza analizę omiczną ekspresji genów i interpretuje ich funkcję w kontekście szlaków metabolicznych.. (C 7-8).<br>6. Analizuje współrzędne genomowe i identyfikuje cechy strukturalne w danych referencyjnych. (C 9-10).<br>7. Rozwiązuje złożony problem bioinformatyczny integrując różne metody analityczne w formie raportu (C 11-15) | Projekt indywidualny, Kolokwium ustne                      |

## Metody dydaktyczne

*(dostosowane do przedmiotowych efektów uczenia się)*

Ćwiczenia praktyczne realizowane przy stanowiskach komputerowych, obejmujące pracę w środowisku R oraz z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych; import i przetwarzanie danych biologicznych, analiza statystyczna, wizualizacja wyników, analiza sekwencji oraz interpretacja danych omicznych; praca indywidualna i zespołowa; konsultacje bieżące z prowadzącym; pomoce dydaktyczne: komputery, oprogramowanie R i pakiety bioinformatyczne, instrukcje do ćwiczeń, przykładowe zestawy danych.

## Opis nakładu pracy studenta w ECTS – ćwiczenia

| Kontakt z prowadzącym | Aktywność                            | Liczba godzin | Razem liczba godzin / ECTS |
|-----------------------|--------------------------------------|---------------|----------------------------|
| bezpośredni           | udział w zajęciach                   | 30            | 30/1,20                    |
|                       | udział w zaliczeniach poza zajęciami | 0             |                            |
| praca własna          | przygotowanie do zajęć               | 10            | 20/0,80                    |
|                       | przygotowanie do zaliczenia          | 10            |                            |

## Kryteria oceny końcowej

*(Opis składowych oceny końcowej zajęć, rozkład procentowy lub punktowy, informacja o dopuszczalnej liczbie nieobecności, inne kryteria)*

Oto propozycja scalonego i zwięzłego zapisu do sylabusu, uwzględniająca mechanizm mnożników oraz kolokwium końcowe, przy zachowaniu struktury oryginału:

Kryteria oceny końcowej

Ocena końcowa wynika z wyniku punktowego ( $P_{final}$ ), obliczanego według wzoru:

$$P_{final} = (P_{techniczne} * M_{AI}) * M_{kolokwium}$$

Skala ocen:

- 50–59 pkt (3.0) | 60–69 pkt (3.5)
- 70–79 pkt (4.0) | 80–89 pkt (4.5)
- 90–150 pkt (5.0)

Składniki wyniku technicznego za każde zadanie

( $P_{techniczne}$  – max 100 %): Punktacja podstawowa (60%): Poprawne wykonanie zadań bazowych w modułach 1–7. Ich zaliczenie jest warunkiem koniecznym uzyskania oceny 3.0 + Punktacja rozszerzona (40%): Realizacja zadań zaawansowanych w modułach 1–7).

Mnożniki weryfikacyjne:

- Mnożnik AI (MAI: 0.5 – 1.0): Ocena podmiotowości pracy studenta na podstawie na podstawie sekcji AI Audit, wykonywana z przejrzystym wykorzystaniem AI jako narzędzia korekty technicznej kodu i treści czatów. Współpraca z AI z prostym debugowaniem. skutkująca poprawnym technicznie kodem to wskaźnik 0.5 – 0.69. Prośby o doprecyzowanie, ale bez konfrontacji rozwiązań - 0.70 do 0.89, aktywne sprawdzanie poprawności, pytania krzyżowe - 0.90 – 1.20, własne pomysły, prośba o weryfikację przez AI - 1.21 – 1.50.

- Mnożnik Kolokwium (M\_kolokwium: 0.5 – 1.5): Ustna, kreatywna rekapitulacja dokonań na koniec zajęć.
  - 50–79%: Podstawowe rozumienie logiki kodu i sensu inżynierskiego.
  - 80–99%: Bardzo dobre rozumienie architektury kodu i teorii statystycznej.
  - 100–150%: Umiejętność interpretacji zadań w świetle współczesnej biotechnologii.

Zasady dodatkowe:

- Dokumentacja AI: Każde zadanie musi zawierać AI Audit (aktywny Share Link lub zapis czatu w formacie PDF + autorska refleksja).

Efekty uczenia się w zakresie umiejętności (BIO1\_U04)

3,0 (Dostateczny) – Student wykonuje podstawowe operacje na danych biologicznych (import, selekcja, proste analizy). Przy wsparciu prowadzącego stosuje testy statystyczne i generuje wizualizacje. Wymaga pomocy przy integracji metod i interpretacji wyników.

4,0 (Dobry) – Student samodzielnie konstruuje struktury danych, integruje źródła i wykonuje zaawansowane wizualizacje. Poprawnie dobiera testy statystyczne, przeprowadza analizę sekwencji oraz interpretuje wyniki analiz omicznych.

5,0 (Bardzo dobry) – Student samodzielnie projektuje i realizuje kompleksowy proces analizy bioinformatycznej – od walidacji danych po interpretację biologiczną. Krytycznie ocenia rezultaty i trafnie osadza rozwiązania obliczeniowe w kontekście współczesnej biotechnologii.

Ocena połówkowa 3,5 jest wystawiana w przypadku pełnego zaliczenia EFEKTÓW UCZENIA SIĘ na ocenę 3,0, ale student nie przyswoił w pełni EFEKTÓW UCZENIA SIĘ na ocenę 4,0. Ocena połówkowa 4,5 jest wystawiana w przypadku pełnego zaliczenia EFEKTÓW UCZENIA SIĘ na ocenę 4,0, ale student nie przyswoił w pełni EFEKTÓW UCZENIA SIĘ na ocenę 5,0.

## Literatura obowiązkowa

|   |                                                                      |
|---|----------------------------------------------------------------------|
|   | Skrypty analityczne udostępnione przez prowadzącego na stronie kursu |
| 1 | Moduł 1: Modul_1_Data_Inzynier_v.2.3.0_Final.R                       |
| 2 | Moduł 2: Modul_2_Data_Mining_v.1.0.0_Complete.R                      |
| 3 | Moduł 3: Modul_3_Stat_Inference_v.1.2.0_Complete.R                   |
| 4 | Moduł 4: Modul_4_Bioinf_Seq_Phylo_v.1.0.0_Complete.R                 |
| 5 | Moduł 5: Modul_5_RNAseq_Pathway_v.1.0.0_Complete.R                   |
| 6 | Moduł 6: Modul_6_Genomics_Variant_v.1.0.0_Complete.R                 |
| 7 | Moduł 7: Modul_7_Final_Project_v.1.2.0_Complete.R                    |

## Literatura uzupełniająca

|    |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|----|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1. | Biecek. P. Przemysław Biecek Przewodnik po pakiecie R. Wydanie czwarte rozszerzone, Wrocław 2017 ISBN: 978-83-62780-44-0 Oficyna Wydawnicza GiS, s.c. [Wersja online (Free)]:<br><a href="http://www.biecek.pl/R/PrzewodnikPoPakiecieRWydanieIVinternet.pdf">http://www.biecek.pl/R/PrzewodnikPoPakiecieRWydanieIVinternet.pdf</a> |
| 2. | Wickham, H., Çetinkaya-Rundel, M., & Grolemund, G. (2023). R for Data Science (2nd ed.). O'Reilly Media, Inc.<br>[Wersja online (Free)] <a href="https://r4ds.hadley.nz/">https://r4ds.hadley.nz/</a>                                                                                                                              |
| 3. | Holmes, S. H., & Huber, W. (2018). Modern statistics for modern biology. Cambridge university press.<br>[Wersja online (Free)] <a href="https://www.huber.embl.de/msmb/">https://www.huber.embl.de/msmb/</a>                                                                                                                       |
| 4. | Akalin, A. (2020). Computational genomics with R. Chapman and Hall/CRC.<br>[Wersja online (Free)] <a href="https://compgenomr.github.io/book/">https://compgenomr.github.io/book/</a>                                                                                                                                              |