

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka dla biologów (Wykład), PG_00079747						
Kierunek studiów	Biologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2022 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2024/2025		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie		Grupa zajęć				
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	3		Język wykładowy		polski polski		
Semestr studiów	5		Liczba punktów ECTS		1.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		prof. dr hab. Marek Ziętara				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		prof. dr hab. Marek Ziętara				
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
	Dodatkowe informacje:						
	Liczba godzin pracy studenta składa się z 15 godzin zajęć, 2 godzin konsultacji oraz 8 godzin pracy własnej.						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów		Udział w konsultacjach		Praca własna studenta	RAZEM
	Liczba godzin pracy studenta	15		0.0		0.0	15
Cel przedmiotu	Zapoznanie studentów z zaawansowanymi narzędziami bioinformatycznymi do podstaw: filogenetyki molekularnej, bioinformatyki strukturalnej, genomiki i proteomiki oraz analizy zmienności genetycznej.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[BIOLL3_W11] absolwent zna i rozumie podstawowe metody analizy statystycznej i ich znaczenie w interpretacji zjawisk i procesów		Student ma wiedzę na temat działania programów do analiz bioinformatycznych oraz metod konstrukcji i interpretacji drzew filogenetycznych opartych o sekwencje DNA i białek.		[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny		
	[BIOLL3_W12] absolwent zna i rozumie zasady wykorzystania narzędzi informatycznych do analizy danych i interpretacji zjawisk i procesów przyrodniczych		Student zna zasady analizy struktury i funkcji DNA i białek.		[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny		
Treści przedmiotu	Wykład: Ewolucja molekularna w ujęciu bioinformatycznym. Omówienie związków filogenetycznych diagnozowanych taksonów u wybranego modelu badawczego. Charakterystyka i interpretacja drzew filogenetycznych (omówienie wiarygodności topologii drzewa, zjawisko duplikacji genów - ortologi i paralogi, zjawisko niekompletnego sortowania linii filogenetycznych, zjawiska przyciągania długich gałęzi, hybrydyzacja, problem grupy zewnętrznej). Zagadnienie zegara molekularnego. Wybrane struktury RNA/ białek. Omówienie i porównywanie genomów u wybranego modelu badawczego.						

Wymagania wstępne i dodatkowe	w. formalne: zaliczenie ćwiczeń z Bioinformatyki dla biologów przed dopuszczeniem do egzaminu.		
	w. wstępne: Wiedza i umiejętności z Podstaw bioinformatyki.		
	w. dodatkowe:		
	1. Student ma obowiązek uczestniczenia w zajęciach, a w razie nieobecności należy ją usprawiedliwić zgodnie z par. 12 Regulaminu Studiów UG.		
	2. Warunkiem zaliczenia wykładu jest obecność na co najmniej 80% zajęć.		
	3. Student ma obowiązek uzupełnić braki w wiedzy i umiejętnościach spowodowane nieobecnością na wykładach we własnym zakresie, natomiast braki w wiedzy i umiejętnościach spowodowane nieobecnością na ćwiczeniach w sposób i w terminie wskazanym przez Prowadzącego zajęcia.		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Test pisemny	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć:	
		A1. wykorzystywana podczas zajęć: Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego	
		A2. studiowana samodzielnie przez studenta: Barry G. Hall Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego	
		artykuły naukowe wskazane przez prowadzącego zajęcia	
	Uzupełniająca lista lektur	B. Literatura uzupełniająca:	
		- Baxevanis A.D., Oullette B.F. (red.) (2005) Bioinformatyka - podręcznik do analizy genów i białek. PWN, ISBN 83-01-142111 - Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood (2008) Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, ISBN 978-83-01-15494-3	
	Adresy eZasobów		
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Nie dotyczy		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.