

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka dla biologów (Wykład), PG_00079747						
Kierunek studiów	Biologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2023 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2025/2026		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie	Grupa zajęć			Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	3	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	5	Liczba punktów ECTS			1.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca							
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	Celem przedmiotu jest zapoznanie studentów z zaawansowanymi narzędziami bioinformatycznymi, z technikami filogenetyki molekularnej, z elementami bioinformatyki strukturalnej i z podstawami genomiki.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[BIOLL3_W11] absolwent zna w stopniu zaawansowanym 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		
	[BIOLL3_U04] absolwent potrafi stosować metody statystyczne oraz algorytmy i techniki informatyczne do opisu zjawisk i analizy danych biologicznych		Efekt realizowany na ćwiczeniach.		[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport		
	[BIOLL3_K05] absolwent jest gotów do odpowiedzialności za bezpieczeństwo pracy własnej i innych oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia i podejmowania odpowiednich działań		Efekt realizowany na ćwiczeniach.		[SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta		

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	<p>w. formalne:</p> <p>zaliczenie ćwiczeń z Bioinformatyki w diagnostyce przed dopuszczeniem do egzaminu.</p> <p>w. wstępne:</p> <p>Wiedza i umiejętności z Podstaw bioinformatyki.</p> <p>w. dodatkowe:</p> <p>1. Student ma obowiązek uczestniczenia w zajęciach, a w razie nieobecności należy ją usprawiedliwić zgodnie z par. 12 Regulaminu Studiów UG.</p> <p>2. Warunkiem zaliczenia wykładu jest obecność na co najmniej 80% zajęć.</p> <p>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.</p>								
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	<table border="1" data-bbox="448 934 1487 1025"> <thead> <tr> <th data-bbox="448 934 794 969">Sposób oceniania (składowe)</th> <th data-bbox="794 934 1141 969">Próg zaliczeniowy</th> <th data-bbox="1141 934 1487 969">Składowa oceny końcowej</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td data-bbox="448 969 794 1005">Egzamin pisemny</td> <td data-bbox="794 969 1141 1005">51.0%</td> <td data-bbox="1141 969 1487 1005">100.0%</td> </tr> </tbody> </table>			Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej	Egzamin pisemny	51.0%	100.0%
Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej							
Egzamin pisemny	51.0%	100.0%							
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<p>A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):</p> <p>A.1. wykorzystywana podczas zajęć</p> <p>Jin Xiong. Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego</p> <p>A.2. studiowana samodzielnie przez studenta</p> <p>Barry G. Hall Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego</p> <p>artykuły naukowe wskazane przez prowadzącego zajęcia</p>							
	Uzupełniająca lista lektur	<p>B. Literatura uzupełniająca</p> <p>Baxevanis A.D., Ouellette B.F. (red.) (2005) Bioinformatyka - podręcznik do analizy genów i białek. PWN, ISBN 83-01-142111</p> <p>Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood (2008) Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, ISBN: 978-83-01-15494-3</p>							
	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.