

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka dla biologów (Ćw. laboratoryjne), PG_00079748						
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	2.0				
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 dr Beata Guzow-Krzemińska dr Natalia Olędrzyńska dr hab. Marcin Górniak dr hab. Andre Viola De Moura					
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	30.0	0.0	0.0	30
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
	Dodatkowe informacje: Liczba godzin pracy studenta składa się z 30 godzin zajęć, 2 godzin konsultacji oraz 18 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	30	0.0	0.0	30		
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_K05] absolwent jest gotów do odpowiedzialności za bezpieczeństwo pracy własnej i innych oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia i podejmowania odpowiednich działań	Student jest odpowiedzialny za powierzony sprzęt komputerowy, materiały, własną pracę oraz szanuje pracę innych.	[SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[BIOLL3_U04] absolwent potrafi stosować metody statystyczne oraz algorytmy i techniki informatyczne do opisu zjawisk i analizy danych biologicznych	Student stosuje narzędzia bioinformatyczne do klasteryzacji danych biologicznych oraz uzyskania struktur II i III rzędowych cząstek biologicznych.	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport
	[BIOLL3_W12] absolwent zna i rozumie zasady wykorzystania narzędzi informatycznych do analizy danych i interpretacji zjawisk i procesów przyrodniczych	Efekt realizowany na wykładzie	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
[BIOLL3_W11] absolwent zna w stopniu zaawansowanym podstawowe metody analizy statystycznej i ich znaczenie w interpretacji zjawisk i procesów	Efekt realizowany na wykładzie	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny	
Treści przedmiotu	Wprowadzenie do biologicznych baz danych. Przyrównanie sekwencji. Modele substytucji DNA. Wprowadzenie do filogenetyki molekularnej. Konstruowanie drzew filogenetycznych na wybranym modelu badawczym - metody i programy. Zasada zegara molekularnego. Przewidywanie genów i promotorów. Bioinformatyka strukturalna. Mapowanie, składanie i porównywanie genomów. Wprowadzenie do genomiki funkcjonalnej i proteomiki. Analiza zmienności genetycznej.		
Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>w. formalne:</p> <p>student ma obowiązek uczestniczenia w wykładzie Bioinformatyka dla biologów.</p> <p>w. dodatkowe:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Student ma obowiązek uczestniczenia w zajęciach, a w razie nieobecności należy ją usprawiedliwić zgodnie z par. 12 Regulaminu Studiów UG. 2. Warunkiem zaliczenia ćwiczeń jest uczestnictwo w co najmniej 85% zajęć. 3. Student ma obowiązek uzupełnić 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
	Średnia ocen cząstkowych	51.0%	40.0%
	Kolokwium	51.0%	60.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<p>A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć:</p> <p>A1. wykorzystywana podczas zajęć:</p> <p>Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego</p> <p>A2. studiowana samodzielnie przez studenta: Barry G. Hall Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego</p>	

	Uzupełniająca lista lektur	<p>B. Literatura uzupełniająca:</p> <p>Baxevanis A.D., Oullette 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> <p>artykuły naukowe wskazane przez prowadzącego zajęcia</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.