

**Karta przedmiotu**

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka i Modelowanie Molekularne - ćw. audytoryjne , PG_00117383						
Kierunek studiów	Marine Biotechnology (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2025/2026		
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć					
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	2	Język wykładowy			angielski angielski		
Semestr studiów	3	Liczba punktów ECTS			1.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed -> Instytut Biotechnologii UG -> Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Agata Motyka-Pomagruk				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	10.0	0.0	0.0	0.0	10
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
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	10		2.0		13.0	25
Cel przedmiotu	Zapoznanie studentów z wiedzą z zakresu bioinformatyki, pozwalającą na świadome wykorzystywanie metod i narzędzi bioinformatycznych stosowanych w biotechnologii morskiej. Studenci nabędą umiejętność korzystania z informacji naukowej, w szczególności baz danych zawierających informacje niezbędne do przeprowadzania operacji z zakresu analiz bioinformatycznych. Studenci zostaną zapoznani z podejściami do zbierania i analizowania danych z wykorzystaniem oprogramowania ogólnodostępnego i komercyjnego, a także metod depozycji pozyskanych danych w publicznych bazach danych. Studenci nabędą umiejętność projektowania eksperymentów in silico.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy [MBMU2-KW04] Zna i rozumie w pogłębionym stopniu zaawansowane metody badawcze stosowane w biotechnologii morskiej i naukach z nią powiązanych	Efekt z przedmiotu [BIOTECHMU2_W05] Absolwent zna i rozumie metody stosowane w naukach ścisłych i przyrodniczych, niezbędne do zrozumienia zjawisk i procesów biologicznych na poziomie molekularnym Student ma wiedzę na temat metod stosowanych w bioinformatyce. [BIOTECHMU2_U02] Absolwent potrafi zbierać i interpretować dane empiryczne; stosować metody statystyczne i narzędzia bioinformatyczne w analizie danych; formułować wnioski na podstawie danych empirycznych Student potrafi zbierać dane z sekwencyjowania, wykonywać analizy przy użyciu narzędzi bioinformatycznych i wyciągać wnioski na podstawie uzyskanych wyników. [BIOTECHMU2_U04] Absolwent potrafi biegle korzystać z informacji naukowych, w tym anglojęzycznych informacji na temat biotechnologii morskiej; analizować i krytycznie wybierać informacje; korzystać ze źródeł elektronicznych; korzystać z odpowiednich baz danych Student potrafi korzystać z publicznie dostępnych baz danych bioinformatycznych w celu pobrania pożądaných informacji i krytycznej ich analizy.	Sposób weryfikacji i oceny efektu [SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW2] prezentacja/projekt/referat/raport [SW5] realizacja zadania problemowego
Treści przedmiotu	Wprowadzenie teoretyczne, instrukcje i odpowiedzi na często zadawane pytania: Bazy z danymi sekwencyjnymi i popularne serwery bioinformatyczne. Przegląd najpopularniejszych formatów generowanych lub wymaganych przez oprogramowanie bioinformatyczne. Wyszukiwanie podobnych sekwencji w bazach danych. Parametry wyszukiwania i analizy statystycznej wyników (BLAST). Analiza sekwencji za pomocą różnego oprogramowania (Chromas, Bioedit, Geneious, Ugene, Bionumerics). Przyrównanie (alignment) sekwencji z użyciem różnego oprogramowania (np. Clustal, Bioedit, MEGA, Geneious, Bionumerics). Przyrównania sekwencji nukleotydów i aminokwasów. Analiza filogenetyczna: wybór modelu substytucji nukleotydów i aminokwasów, konstrukcja drzew filogenetycznych różnymi metodami: maksymalnej parsymonii, dystansu genetycznego, maksymalnego prawdopodobieństwa, wnioskowania bayesowskiego, weryfikacja poprawności wygenerowanych drzew filogenetycznych (np. oprogramowanie Geneious, MEGA i inne) Składanie odczytów z sekwencjonowania Sangera w konsensus i poszukiwanie otwartych ramek odczytu (ORF-Finder) Projektowanie starterów przy użyciu różnych programów: PRIMER3, PrimerQuest, OligoAnalyzer. Poszukiwanie sekwencji chimericznych (np. oprogramowanie Bellerophon, Decipher). Dobre praktyki przy stosowaniu AI w pracy naukowej. Metagenomika: Określanie operacyjnych jednostek taksonomicznych (OTU) i ASV (K-base, mothur) Składanie i anotacja genomu (RAST, Geneious, KEGG, BioCyc) Poszukiwanie kłastrów genów kodujących metabolity wtórne (platforma antiSMASH) Poszukiwanie plazmidów (Plasmidfinder), profagów (Phastest), mobilnych elementów genetycznych (ICEfinder) w danych NGS Podstawowa genomika porównawcza (konstruowanie profili filogenetycznych, poszukiwanie regionów plastyczności genomu z wykorzystaniem różnych platform: Integrated Microbial Genomes - IMG, Microbial Genome Annotation & Analysis Platform, Edgar 3, K-base, KEGG). Obliczanie wskaźnika całkowitego pokrewieństwa genomu (OGRI) metodami: in silico DNA-DNA hybrydyzacja (TYGS), ANI (platforma Jspecies) Analiza pangénomiczna - pangénom, genom rdzeniowy, geny pomocnicze i unikalne, badania pangénomiczne z wykorzystaniem różnych platform: Integrated Microbial Genomes - IMG, Microbial Genome Annotation & Analysis Platform, Edgar 3, K-base)		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Nabyte umiejętności zostaną zweryfikowane poprzez samodzielnie wykonaną analizę bioinformatyczną, interpretację wyników i przygotowanie raportu. Raporty z zajęć będą wymagane do zaliczenia kursu.	0.0%	50.0%
	Wiedza teoretyczna zdobyta w trakcie kursu będzie weryfikowana za pomocą quizów (jeden quiz na każde spotkanie).	0.0%	50.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	Applied Bioinformatics - An Introduction, Paul M. Selzer Richard J. Marhöfer, Oliver Koch. Second Edition.2018 Bioinformatics. A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Redakcja naukowa: A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette. Bioinformatics and Molecular Evolution. Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood.
	Uzupełniająca lista lektur	Bioinformatics. Sequence and genome analysis". D.W. Mount. 2001. Studenci będą samodzielnie wyszukiwać materiały, korzystając m.in. z elektronicznych źródeł informacji.
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Realizowane zagadnienia dotyczą teoretycznego przygotowania do: pozyskania informacji z ogólnodostępnych bioinformatycznych baz danych, przeprowadzenia przyrównań sekwencji, uzyskania sekwencji konsensusowych wykonania analiz filogenetycznych, dobrych praktyk przy stosowaniu AI w pracy naukowej, poszukiwania genów i zdeterminowania ich funkcji, wykonania analiz z zakresu metagenomiki i genomiki porównawczej.	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.