

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka i Modelowanie Molekularne - ćw. laboratoryjne , PG_00117384						
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	0.0	10.0	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		3.0		15.0	28
Cel przedmiotu	Zaznajomienie studentów z praktycznymi umiejętnościami z zakresu bioinformatyki, umożliwiającymi wykorzystanie metod i narzędzi komputerowych w badaniach z dziedziny biotechnologii morskiej. Studenci będą wyszukiwać, pobierać i interpretować dane naukowe, w szczególności pochodzące z baz danych zawierających informacje niezbędne do przeprowadzania analiz bioinformatycznych. Studenci będą analizować dane z sekwencjonowania oraz inne dane biologiczne przy użyciu zarówno publicznie dostępnego jak i komercyjnego oprogramowania, oraz wykonywać analizy celem przygotowania nowo zebranych danych do depozycji w publicznych bazach danych. Studenci będą projektować eksperymenty in silico.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[MBMU2-KU02] Potrafi zebrać i interpretować dane empiryczne; w analizie danych stosuje metody statystyczne i narzędzia informatyczne; formułuje wnioski w oparciu o dane empiryczne	Student potrafi skorzystać z publicznie dostępnych baz danych oraz oprogramowania bioinformatycznego, pozyskać niezbędne informacje (w tym dane z sekwencjonowania) oraz przeprowadzić analizy bioinformatyczne z użyciem tych narzędzi.	[SU5] realizacja zadania problemowego [SU6] demonstracja umiejętności praktycznych
	[MBMU2-KU03] Potrafi biegle korzystać i krytycznie analizować dostępne informacje naukowe; na ich podstawie oraz na podstawie własnej pracy potrafi przygotować i przedstawić wystąpienie ustne lub/i pisemne opracowanie obejmujące szczegółowe zagadnienia w zakresie biotechnologii morskiej, stosując język naukowy w tym specjalistyczną terminologię i aparat pojęciowy; posiada umiejętność prowadzenia dyskusji	Student potrafi opisać i zinterpretować wyniki przeprowadzonych analiz bioinformatycznych oraz wyciągnąć z nich wnioski o znaczeniu biologicznym. Student potrafi przygotować raport z wykonanych analiz bioinformatycznych i wnioskować o znaczeniu rezultatów w kontekście biotechnologii morskiej.	[SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny
Treści przedmiotu	Samodzielne przeprowadzenie analiz bioinformatycznych: 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). Analizy 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 chimerycznych (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 klastrów 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 pangénomowa - pangénom, genom rdzeniowy, geny pomocnicze i unikalne, badania pangénomowe 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 osiąganych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Nabyte umiejętności zostaną zweryfikowane poprzez samodzielnie wykonanie zadań bioinformatycznych w trakcie zaliczenia praktycznego. Poprawność analiz oraz interpretacja rezultatów będą oceniane.	0.0%	100.0%
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 uzyskania praktycznego doświadczenia w: pozyskaniu informacji z ogólnodostępnych bioinformatycznych baz danych, przeprowadzeniu przyrównań sekwencji, uzyskaniu sekwencji konsensusowych, wykonaniu analiz filogenetycznych, dobrych praktykach przy stosowaniu AI w pracy naukowej, poszukiwaniu genów i zdeterminowaniu ich funkcji, wykonaniu analiz z zakresu metagenomiki i genomiki porównawczej.		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.