

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka dla biologów (Ćw. laboratoryjne), PG_00132659						
Kierunek studiów	Biologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2026/2027		
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 polski		
Semestr studiów	5	Liczba punktów ECTS			2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	prof. dr hab. Marek Zięta					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
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						
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		2.0		18.0	50
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_U04] 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_K05] 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	
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: student ma obowiązek uczestniczenia w wykładzie Bioinformatyka dla biologów.</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 ćwiczeń jest uczestnictwo w co najmniej 85% zajęć.</p> <p>3. Student ma obowiązek uzupełnić 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"> <thead> <tr> <th>Sposób oceniania (składowe)</th> <th>Próg zaliczeniowy</th> <th>Składowa oceny końcowej</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Średnia ocen cząstkowych</td> <td>51.0%</td> <td>40.0%</td> </tr> <tr> <td>Kolokwium</td> <td>51.0%</td> <td>60.0%</td> </tr> </tbody> </table>	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej	Średnia ocen cząstkowych	51.0%	40.0%	Kolokwium	51.0%	60.0%		
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: 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> <ul style="list-style-type: none"> 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 artykuły naukowe wskazane przez prowadzącego zajęcia 										
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:										
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Nie dotyczy											
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy											

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.