

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Wstęp do bioinformatyki (Ćw. laboratoryjne), PG_00147116						
Kierunek studiów	Genetyka i biologia eksperymentalna (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 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	2	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	4	Liczba punktów ECTS			2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Wydział Biologii						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Beata Guzow-Krzemińska				
	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		3.0		17.0	50
Cel przedmiotu	Zapoznanie studentów z podstawowymi narzędziami bioinformatycznymi oraz metodami analizy sekwencji. Przygotowanie studentów do korzystania z nowoczesnych narzędzi bioinformatycznych. Nabycie umiejętności pozyskiwania danych biologicznych z baz danych oraz analizy tych danych.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[GBEL3_W08] technologię informacyjną stosowaną w genetyce i biologii eksperymentalnej		Ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi bioinformatycznych i rozumie ich znaczenie w analizie danych molekularnych, zna i opisuje zasady wykorzystania narzędzi bioinformatycznych do analizy danych i interpretacji zjawisk i procesów biologicznych.		[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW2] prezentacja/projekt/referat/raport		
	[GBEL3_U02] posługiwać się programami komputerowymi, służącymi do wykonywania analiz i kalkulacji oraz wykorzystywać bazy danych i narzędzia bioinformatyczne do rozwiązywania problemów biologicznych		Stosuje podstawowe narzędzia bioinformatyczne do analizy danych biologicznych oraz potrafi przeanalizować sekwencje cząsteczek biologicznych i potrafi interpretować wyniki prostych analiz bioinformatycznych.		[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SU6] demonstracja umiejętności praktycznych		
	[GBEL3_U07] pracować w zespole oraz organizować pracę z zachowaniem zasad BHP i ergonomii pracy		Potrafi pracować w małej grupie nad otrzymanym zadaniem.		[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta		
	[GBEL3_K07] uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu genetyki molekularnej i innych dziedzin		Rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu bioinformatyki i innych dziedzin.		[SK2] prezentacja/projekt/referat/raport [SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta		

Treści przedmiotu	Omawiane zagadnienia obejmują następujące treści: zasady BHP i ergonomia pracy przy komputerze; wprowadzenie do baz danych; pozyskiwanie i przetwarzanie informacji biologicznych z wykorzystaniem baz danych biologicznych i biomedycznych - sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, struktur cząsteczek biologicznych, literatury; wprowadzenie do metod analizy sekwencji; przegląd podstawowych narzędzi bioinformatycznych: edycja i analiza chromatogramów, porównywanie sekwencji, projektowanie starterów, porządkowanie sekwencji, wyszukiwanie i wizualizacja struktur trzeciorzędowych cząsteczek biologicznych, klonowanie in silico.		
Wymagania wstępne i dodatkowe	Znajomość podstaw biologii molekularnej, podstawowych mechanizmów na poziomie molekularnym oraz podstawowych typów makrocząsteczek biologicznych. Co najmniej podstawowa znajomość języka angielskiego umożliwiająca pracę z programami i bazami anglojęzycznymi		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	przygotowanie grupowej pracy projektowej i prezentacja wyników	51.0%	40.0%
	praca na zajęciach	51.0%	10.0%
	sprawdzian	51.0%	50.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	Lesk A. (2019) Wprowadzenie do bioinformatyki. Wydawnictwo Naukowe PWN, ISBN 9788301208110 Baxevanis A.D., Ouellette B.F. (red.) (2005) Bioinformatyka - podręcznik do analizy genów i białek. PWN, ISBN 83-01-14211-1 Xiong J. (2011) Podstawy bioinformatyki, PWN, ISBN: 9788323505112	
	Uzupełniająca lista lektur	Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood (2008) Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, ISBN: 978-83-01-15494-3 https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1762/ https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/ Beata Guzow-Krzemińska, Tomasz Gašior, Agnieszka Szalewska-Pałasz. 2015. Phylogenetic relationship of the stringent response-related genes of marine bacteria. Acta Biochimica Polonica 62(4): 773-783. Marta A. Skowron, Beata Guzow-Krzemińska, Sylwia Barańska, Paulina Jędrak, Grzegorz Węgrzyn. 2015. A rapidly progressing, deadly disease of <i>Actias selene</i> (Indian moon moth) larvae associated with a mixed bacterial and baculoviral infection. Journal of Biosciences 40(3): 487-495. Literatura dodatkowa podawana na zajęciach.	
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania			
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.