

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka w diagnostyce - ćwiczenia laboratoryjne (Ćw. laboratoryjne), PG_00147784						
Kierunek studiów	Genetyka i biologia eksperymentalna (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	6	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		3.0		17.0	50
Cel przedmiotu	Celem przedmiotu jest zapoznanie studentów z zaawansowanymi narzędziami bioinformatycznymi, z technikami filogenetyki molekularnej, z elementami bioinformatyki strukturalnej i z podstawami genomiki.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[GBEL3_U02] posługiwać się programami komputerowymi, służącymi do wykonywania analiz i kalkulacji oraz wykorzystywać bazy danych i narzędzia bioinformatyczne do rozwiązywania problemów biologicznych		Student stosuje narzędzia bioinformatyczne do klasteryzacji danych biologicznych i uzyskiwania struktur II i III rzędowych cząstek biologicznych.		[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport		
	[GBEL3_U04] czytać ze zrozumieniem teksty naukowe w języku angielskim i polskim, dokonuje syntezy zawartej w nich wiedzy, przygotowuje dobrze udokumentowane opracowania problemów biologicznych oraz dotyczących komercjalizacji badań		Potrafi czytać ze zrozumieniem teksty naukowe z bioinformatyki w języku angielskim i przygotowywać ich przekład na język polski.		[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta		
	[GBEL3_K08] odpowiedzialności za powierzony sprzęt/materiały oraz szanuje pracę innych		Jest odpowiedzialny za powierzony sprzęt komputerowy/materiały własną pracą oraz szanuje pracę innych.		[SK1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta		
Treści przedmiotu	Ćwiczenia: Odtworzenia związków filogenetycznych diagnozowanych taksonów u wybranego modelu badawczego. Wykorzystanie narzędzi bioinformatycznych do szczegółowego opisu drzew filogenetycznych w celu ich prezentacji i interpretacji. Szacowanie związków filogenetycznych metodą zegara molekularnego. Zastosowanie metod bioinformatycznych do przewidywania wybranych struktur RNA/białek. Zastosowanie metod bioinformatycznych do mapowania, składania i porównywania genomów. Wykorzystanie specjalistycznego oprogramowania (np. MEGA, Seaview, BEAST, MrBayes, tRNAscan-SE).						

Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>w. wstępne: wiedza i umiejętności z Podstaw bioinformatyki.</p> <p>w. formalne: student ma obowiązek uczestniczenia w wykładzie Bioinformatyka w diagnostyce</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 wykładach we własnym zakresie, natomiast 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	<p>Podstawowa lista lektur</p>	<p>A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):</p> <p>A.1. wykorzystywana podczas zajęć</p> <p>Jin Xiong. Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego</p> <p>A.2. studiowana samodzielnie przez studenta</p> <p>Barry G. Hall Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego</p> <p>artykuły naukowe wskazane przez prowadzącego zajęcia</p>										
	<p>Uzupełniająca lista lektur</p>	<p>B. Literatura uzupełniająca</p> <p>Baxevanis A.D., Ouellette 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>Adresy eZasobów</p>	<p>Adresy na platformie eNauczanie:</p>										
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<p>Nie dotyczy</p>											
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	<p>Nie dotyczy</p>											

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.