

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka w diagnostyce - wykład (Wykład), PG_00147787						
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 poski		
Semestr studiów	6	Liczba punktów ECTS			2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			egzamin		
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	30.0	0.0	0.0	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_W08] technologię informacyjną stosowaną w genetyce i biologii eksperymentalnej		Zna zasady działania programów do analiz bioinformatycznych oraz wybrane metody konstrukcji i interpretacji drzew filogenetycznych opartych o sekwencje DNA i białek.			[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny	
	[GBEL3_W01] budowę i właściwości podstawowych typów makrocząsteczek biologicznych, mechanizmy molekularne szlaków metabolizmu podstawowego i przepływu informacji genetycznej oraz źródła zmienności genetycznej organizmów i mechanizmy ewolucji; objaśnia reguły dziedziczenia, wyjaśnia różnice w budowie i funkcjonowaniu komórki prokariotycznej i eukariotycznej oraz budowę i zależności funkcjonalne na poziomie komórkowym i tkankowym		Opisuje budowę i właściwości makromolekuł, a także wyjaśnia reguły ich dziedziczenia. Zna zasady ewolucji sekwencji, struktury i funkcji DNA.			[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny	
Treści przedmiotu	Wykład: Ewolucja molekularna w ujęciu bioinformatycznym. Omówienie związków filogenetycznych diagnozowanych taksonów u wybranego modelu badawczego. Charakterystyka i interpretacja drzew filogenetycznych (omówienie wiarygodności topologii drzewa, zjawisko duplikacji genów - ortologi i paralogi, zjawisko niekompletnego sortowania linii filogenetycznych, zjawiska przyciągania długich gałęzi, hybrydyzacja, problem grupy zewnętrznej). Zagadnienie zegara molekularnego. Wybrane struktury RNA/ białek. Omówienie i porównywanie genomów u wybranego modelu badawczego.						

<p>Wymagania wstępne i dodatkowe</p>	<p>w. formalne: zaliczenie ćwiczeń z Bioinformatyki w diagnostyce przed dopuszczeniem do egzaminu.</p> <p>w. wstępne: Wiedza i umiejętności z Podstaw bioinformatyki.</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 wykładu jest obecność na co najmniej 80% 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>								
<p>Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się</p>	<table border="1"> <thead> <tr> <th data-bbox="459 633 794 656">Sposób oceniania (składowe)</th> <th data-bbox="802 633 1137 656">Próg zaliczeniowy</th> <th data-bbox="1145 633 1481 656">Składowa oceny końcowej</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td data-bbox="459 667 794 689">Egzamin pisemny</td> <td data-bbox="802 667 1137 689">51.0%</td> <td data-bbox="1145 667 1481 689">100.0%</td> </tr> </tbody> </table>			Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej	Egzamin pisemny	51.0%	100.0%
Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej							
Egzamin pisemny	51.0%	100.0%							
<p>Zalecana lista lektur</p>	<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>							
<p>Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania</p>	<p>Nie dotyczy</p>								
<p>Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu</p>	<p>Nie dotyczy</p>								

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.