

**Karta przedmiotu**

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka - aplikacje , PG_00153620						
Kierunek studiów	Biotechnologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2024/2025		
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć			Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	1	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	2	Liczba punktów ECTS			2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	dr hab. Małgorzata Waleron					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu	dr hab. Małgorzata Waleron					
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15
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	15	5.0		30.0		50
Cel przedmiotu	<p>Zapoznanie studentów z podstawową wiedzą w zakresie bioinformatyki pozwalającą na świadome stosowanie metod i narzędzi bioinformatycznych wykorzystywanych w biotechnologii i innych dziedzinach nauki.</p> <p>Student poszerzy wiedzę z zakresu pokrewnych dziedzin nauki i dyscyplin naukowych umożliwiającą dostrzeganie związków i zależności w przyrodzie w szczególności tych istotnych dla biotechnologii.</p>						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu			Sposób weryfikacji i oceny efektu	
	[BIOTECHMU2_W02] Ma poszerzoną wiedzę dotyczącą zastosowania wykorzystywanych technik laboratoryjnych oraz metod modyfikacji genetycznej komórek i organizmów oraz ich wykorzystania w biotechnologii		Student ma poszerzoną wiedzę dotyczącą wykonania i interpretacji analiz bioinformatycznych oraz ich wykorzystania w biotechnologii.			[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny	
	[BIOTECHMU2_W05] Posiada wiedzę w zakresie metod stosowanych w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną dla zrozumienia zjawisk i procesów biologicznych na poziomie molekularnym		Student posiada wiedzę w zakresie metod stosowanych w analizach bioinformatycznych wykorzystywanych w biotechnologii niezbędną dla zrozumienia zjawisk i procesów biologicznych na poziomie molekularnym.			[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny	

Treści przedmiotu	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Przegląd sekwencyjnych baz danych. Zbieranie, przechowywanie i opracowywanie sekwencji do zdeponowania w publicznych bazach danych.</li> <li>2. Porównywanie sekwencji (porównania pary sekwencji, porównania wielu sekwencji).</li> <li>3. Poszukiwanie podobnych sekwencji w bazach danych.</li> <li>4. Sekwencje chimeryczne. Wyodrębianie OTU, AVS. Metagenomika.</li> <li>5. Genomika i projekty sekwencjonowania genomów.</li> <li>6. Składanie i adnotacja genomów, wyszukiwanie otwartych ramek odczytu, przewidywanie funkcji białek</li> <li>7. Genomika porównawcza. Profile filogenetyczne i regiony plastyczności genomowej.</li> <li>8. Analiza pangenomiczna, poznanie pangenomu, genów rdzeniowych (core genom), genów unikalnych dla poszczególnych szczepów (dispensable genes),</li> <li>9. Analizy genomowe z użyciem wskaźników ogólnego pokrewieństwa genomów (Overall Genome Related Index (OGR) <i>methods</i>: analiza ANI/AAI, hybrydyzacja DNA-DNA in silico.</li> <li>10. Filogenetyka. Modele ewolucji. Przewidywanie filogenetyczne.</li> <li>11. Wyszukiwanie sekwencji plazmidów, profagów i mobilnych elementów genetycznych w danych NGS</li> <li>12. Wyszukiwanie klastrów genów kodujących metabolity wtórne oraz systemy sekrecji</li> </ol>		
Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>Organizmy jednokomórkowe - Budowa, różnorodność i środowisko (M03_B1)</p> <p>Organizmy jednokomórkowe Genetyka (M03_B2)</p> <p>Organizmy jednokomórkowe - Metabolizm (M03_B3)</p>		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Kolokwium zaliczeniowe w formie testu z pytaniami otwartymi.	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <a href="#">Wprowadzenie do bioinformatyki Arthur Lesk. PWN 2019</a></li> <li>• Applied Bioinformatics : An Introduction, Paperback by Selzer, Paul M. (EDT) Springer 2018</li> <li>• Bioinformatyka - Podręcznik do analizy genów i białek". Tytuł oryginalny: Bioinformatics. A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Redakcja naukowa: A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette. Tłumaczenie: Małgorzata Cebrat, Jacek Leluk, Paweł Mackiewicz. Wydanie 2005.</li> <li>• Bioinformatyka i ewolucja molekularna". Tytuł oryginalny: Bioinformatics and Molecular Evolution. Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood.</li> <li>• Bioinformatics. Sequence and genome analysis". D.W. Mount. 2001.</li> <li>• Studenci samodzielnie wyszukują materiały dotyczące zajęć korzystając m.in. z elektronicznych źródeł informacji.</li> </ul>	
	Uzupełniająca lista lektur	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Bioinformatics. Sequence and genome analysis". D.W. Mount. 2001.</li> <li>• Studenci samodzielnie wyszukują materiały dotyczące zajęć korzystając m.in. z elektronicznych źródeł informacji.</li> </ul>	
	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.