

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka - aplikacje , PG_00153621						
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	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		5.0		15.0	50
Cel przedmiotu	<ul style="list-style-type: none"> <li>Zapoznanie studentów z wiedzą pozwalającą na świadome stosowanie metod i narzędzi bioinformatycznych wykorzystywanych w biotechnologii i innych dziedzinach nauki.</li> <li>Student zdobędzie umiejętność korzystania z informacji naukowej ze szczególnym uwzględnieniem baz danych zawierających informacje niezbędne w prowadzeniu analiz bioinformatycznych</li> <li>Studenci posiadają praktyczne umiejętności zbierania i analizy danych oraz ich opracowywania i przygotowania do zdeponowania w publicznych bazach danych.</li> <li>Studenci zdobędą umiejętność projektowania eksperymentów <i>in silico</i>.</li> </ul>						

Efekty uczenia się przedmiotu	<p>Efekt kierunkowy</p> <p>[BIOTECHMU2_W05] Posiada wiedzę w zakresie metod stosowanych w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną dla zrozumienia zjawisk i procesów biologicznych na poziomie molekularnym</p>	<p>Efekt z przedmiotu</p> <p>Student posiada wiedzę w zakresie metod stosowanych w bioinformatyce.</p>	<p>Sposób weryfikacji i oceny efektu</p> <p>[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny</p>
	<p>[BIOTECHMU2_U02] Zbiera i interpretuje dane empiryczne; w analizie danych stosuje metody statystyczne i narzędzia informatyczne; formułuje wnioski w oparciu o dane empiryczne</p>	<p>Student potrafi zgromadzić i zinterpretować dane sekwencyjne. Potrafi wykonać podstawowe analizy zastosowaniem narzędzi bioinformatycznych; Potrafi sformułować wnioski w oparciu o dane empiryczne i wyniki przeprowadzonych analiz.</p>	<p>[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU5] realizacja zadania problemowego</p>
	<p>[BIOTECHMU2_U04] Posiada umiejętność biegłego korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej biotechnologii; krytycznie analizuje i selekcjonuje informacje; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada umiejętność korzystania z właściwych baz danych</p>	<p>Student potrafi korzystać z publicznie dostępnych bioinformatycznych baz danych i pozyskiwać pożądane informacje, a następnie krytycznie je przeanalizować.</p>	<p>[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU5] realizacja zadania problemowego</p>
Treści przedmiotu	<ul style="list-style-type: none"> <li>Przeszukiwanie sekwencyjnych bazy danych oraz popularnych serwerów bioinformatycznych.</li> <li>Przegląd najpopularniejszych formatów sekwencji z uwzględnieniem wymogów typowego oprogramowania bioinformatycznego.</li> <li>Szukanie podobnych sekwencji w bazach danych. Parametry poszukiwania i statystyczna analiza wyników (BLAST).</li> <li>Analiza sekwencji z wykorzystaniem różnego oprogramowania (Chromas, Bioedit, Geneious, Ugene, Bionumerics).</li> <li>Porównywanie sekwencji (porównania pary sekwencji, porównania wielu sekwencji) za pomocą różnych programów m.in. Clustal, Bioedit, MEGA, Geneious, Bionumerics.</li> <li>Badanie podobieństwa sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych.</li> <li>Składanie większych fragmentów sekwencji (<a href="#">Geneious</a>, <a href="#">MEGA</a>, i in. programy) oraz wyszukiwanie otwartych ramek odczytu (<a href="#">ORF-Finder</a>).</li> <li>Składanie i adnotacja genomu (RAST, Geneious, KEGG)</li> <li>Wyszukiwanie klastrów genów kodujących metabolity wtórne (platforma <a href="#">antiSMASH</a>)</li> <li>Wyszukiwanie plazmidów (oprogramowanie <a href="#">plasmidfinder</a>), profagów (<a href="#">Phaster</a>), mobilnych elementów genetycznych (<a href="#">ICEfinder</a>) w danych NGS</li> <li>Analiza filogenetyczna: wybór modelu substytucji nukleotydów i aminokwasów, konstrukcja drzew filogenetycznych z wykorzystaniem różnych metod: dystansu genetycznego maksymalnej parsymonii, maksymalnego prawdopodobieństwa oraz wnioskowania Bayesowskiego, weryfikacja poprawności drzew filogenetycznych (<a href="#">Geneious</a>, <a href="#">MEGA</a>, i in. programy).</li> <li>Projektowanie starterów w wykorzystaniem różnych programów: : <a href="#">PRIMER3</a>, <a href="#">PrimerQuest</a>, <a href="#">OligoAnalyzer</a>.</li> <li>Analiza restrykcyjna in silico.</li> <li>Analiza sekwencji uzyskanych z biblioteki klonów, Wyodrębianie najmniejszych jednostek taksonomicznych (OTU) (program <a href="#">mothur</a>) i wariantów sekwencji amplikonu AVS (<a href="#">K-base</a>).</li> <li>Wyszukiwanie sekwencji chimerycznych (program <a href="#">Bellerophon</a>).</li> <li>Podstawowa genomika porównawcza (konstruowanie profili filogenetycznych, wyszukiwanie rejonów plastyczności genomowej, określenie pangenu, genów rdzeniowych (core genom), genów unikalnych dla poszczególnych szczepów (dispensable genes), - <a href="#">IMG</a>, <a href="#">Microbial Genome Annotation &amp; Analysis Platform</a>, <a href="#">Edgar 3</a>, <a href="#">K-base</a>, <a href="#">KEGG</a>).</li> <li>Porównanie sekwencji genomowych z wykorzystaniem metod OGR1: hybrydyzacja DNA-DNA <i>in silico</i>, średnia identyczność nukleotydowa (ANI) (platformy: <a href="#">TYGS</a>, <a href="#">Jspecies</a></li> <li>Składanie i adnotacja genomu, przewidywanie funkcji białek (<a href="#">RAST</a>, <a href="#">Geneious</a>, <a href="#">KEGG</a>, <a href="#">BioCyc</a>)</li> </ul>		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się	<p>Sposób oceniania (składowe)</p>	<p>Próg zaliczeniowy</p>	<p>Składowa oceny końcowej</p>
	<p>Zdobyte umiejętności zostaną zweryfikowane w pracy zaliczeniowej polegającej na samodzielnym przeprowadzeniu analizy bioinformatycznej</p>	<p>0.0%</p>	<p>60.0%</p>
	<p>Do zaliczenia przedmiotu konieczne będą raporty ze wszystkich zajęć.</p>	<p>0.0%</p>	<p>20.0%</p>
<p>Wiedza nabyta na zajęciach zostanie zweryfikowana w formie testu</p>	<p>0.0%</p>	<p>20.0%</p>	

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Wprowadzenie do bioinformatyki. Arthur Lesk. PWN 2019</li> <li>• Applied Bioinformatics - An Introduction, Paul M. Selzer Richard J. Marhöfer, Oliver Koch. Second Edition.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 Cebra, Jacek Leluk, Paweł Mackiewicz. Wydanie 2005.</li> <li>• "Bioinformatyka i ewolucja molekularna". Tytuł oryginalny: Bioinformatics and Molecular Evolution. Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood. Tłumaczenie: Krzysztof Murzyn, Marcin Kurdziel, Piotr Liguziński. Wydanie 2008.</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		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.