

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyczna analiza sekwencji, PG_00156236						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (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	3	Liczba punktów ECTS			6.0		
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. Stanisław Oldziej					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	45.0	0.0	0.0	60
	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	60		0.0		90.0	150
Cel przedmiotu	Celem kształcenia jest zapoznanie studenta z podstawowymi narzędziami stosowanym w bioinformatyce do analizy sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych oraz umiejętnością ich stosowania. Student zapozna się też z podstawowymi bazami danych stosowanymi w bioinformatyce, oraz metodami wyszukiwania informacji, pozna też problem dynamicznych zmian zachodzących w metodach i sposobach gromadzenia i przetwarzania informacji.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[BIOINL3_K01] Zna ograniczenia własnej wiedzy i umiejętności; wykazuje gotowość stałego doskonalenia, aktualizowania wiedzy i podnoszenia kwalifikacji w zakresie bioinformatyki	Umie krytycznie ewaluować wyniki analiz	[SK2] prezentacja/projekt/referat/raport [SK3] opracowanie tekstowe/praca pisemna
	[BIOINL3_U03] Stosuje podstawowe metody matematyczne i statystyczne do opisu zjawisk i analizy danych; posiada umiejętność podstawowej analizy danych w profesjonalnych bazach danych wykorzystywanych w bioinformatyce	Stosuje podstawowe metody bioinformatyczne do selekcji i analizy danych zawartych w specjalistycznych bazach danych.	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport
	[BIOINL3_U05] Posiada umiejętność korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej bioinformatyki; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada podstawową umiejętność korzystania z właściwych baz danych	Student posiada umiejętność wyszukiwania i selekcji informacji zdeponowanych w specjalistycznych bazach danych	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport
	[BIOINL3_W04] Ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce	Zna podstawowe metody bioinformatyczne służące do analizy danych, zna podstawowe metody eksperymentalne służące do pozyskiwania danych biologicznych.	[SW2] prezentacja/projekt/referat/raport [SW3] opracowanie tekstowe/praca pisemna
Treści przedmiotu	Treści wykładowe: • Eksperymentalne metody pozyskiwania sekwencji aminokwasowych i nukleotydowych ze szczególnym naciskiem na metody wysokoprzepustowe • Bazy danych gromadzących dane biologiczne (sekwencje aminokwasowe, nukleotydowe, struktury biomolekuł, szlaki metaboliczne, dane medyczne) • Macierze substytucji • Algorytmy do porównywania sekwencji • Algorytmy do zestawiania wielu sekwencji Treść ćwiczeń laboratoryjnych: • Wyszukiwanie informacji zdeponowanych w biologicznych bazach danych • Porównywanie sekwencji białkowych i/lub kwasów nukleinowych • Porównywanie wielu sekwencji tworzenie zestawień i ich analiza • Wizualizacja wyników		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	kolokwium	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	• P.G. Higgs, T.K. Attwood. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, 2008 • A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette (red.) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Wiley-Liss, Inc. 2005.	
	Uzupełniająca lista lektur	• literatura polecana przez prowadzących na zajęciach	
	Adresy eZasobów	Podstawowe https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/ - GenBank - baza danych sekwencji nukleotydowych, genów i genomów. Narzędzia bioinformatyczne do analizy sekwencji nukleotydowych https://www.rcsb.org/ - PDB (Protein Data Bank) baza danych struktur przestrzennych biomolekuł. https://www.uniprot.org - Baza danych sekwencji aminokwasowych, narzędzia do bioinformatycznej analizy sekwencji aminokwasowych https://www.genome.jp/kegg/ - Baza danych KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). Baza danych integrująca geny, produkty genów i metabolizm	

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	n
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.