Uniwersytet Gdański

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka i Modelowanie Molekularne - ćw. laboratoryjne , PG_00117384		
Kierunek studiów	Marine Biotechnology (O)		
Data rozpoczęcia studiów	październik 2025 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu	2026/2027
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć	Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji	na uczelni
Rok studiów	2	Język wykładowy	angielski
Semestr studiów	3	Liczba punktów ECTS	1.0
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia	zaliczenie
Jednostka prowadząca	Rektor -> Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed -> Instytut Biotechnologii UG -> Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe		
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	dr Agata Motyka-Pomagruk	
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		

Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	10.0	0.0	0.0	10
	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	10	3.0	15.0	28

Cel przedmiotu	
	Zaznajomienie studentów z praktycznymi umiejętnościami z zakresu bioinformatyki, umożliwiającymi wykorzystanie metod i narzędzi komputerowych w badaniach z dziedziny biotechnologii morskiej. Studenci będą wyszukiwać, pobierać i interpretować dane naukowe, w szczególności pochodzące z baz danych, zawierających informacje niezbędne do przeprowadzania analiz bioinformatycznych. Studenci będą analizować dane z sekwencjonowania oraz inne dane biologiczne przy użyciu zarówno publicznie dostępnego jak i komercyjnego oprogramowania, oraz wykonywać analizy celem przygotowania nowo-zebranych danych do depozycji w publicznych bazach danych. Studenci będą projektować eksperymenty *in silico*.

Efekty uczenia się przedmiotu

Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
[MBMU2-KU03] Potrafi biegle korzystać i krytycznie analizować dostępne informacje naukowe; na ich podstawie oraz na podstawie własnej pracy potrafi przygotować i przedstawić wystąpienie ustne lub/i pisemne opracowanie obejmujące szczegółowe zagadnienia w zakresie biotechnologii morskiej, stosując język naukowy w tym specjalistyczną terminologię i aparat pojęciowy; posiada umiejętność prowadzenia dyskusji	Student potrafi opisać i zinterpretować wyniki przeprowadzonych analiz bioinformatycznych oraz wyciągnąć z nich wnioski o znaczeniu biologicznym. Student potrafi przygotować raport z wykonanych analiz bioinformatycznych i wnioskować o znaczeniu rezultatów w kontekście biotechnologii morskiej.	[SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny
[MBMU2-KU02] Potrafi zebrać i interpretować dane empiryczne; w analizie danych stosuje metody statystyczne i narzędzia informatyczne; formułuje wnioski w oparciu o dane empiryczne	Student potrafi skorzystać z publicznie dostępnych baz danych oraz oprogramowania bioinformatycznego, pozyskać niezbędne informacje (w tym dane z sekwencjonowania) oraz przeprowadzić analizy bioinformatyczne z użyciem tych narzędzi.	[SU5] realizacja zadania problemowego [SU6] demonstracja umiejętności praktycznych

Treści przedmiotu

Samodzielne przeprowadzenie analiz bioinformatycznych: Bazy z danymi sekwencyjnymi i popularne serwery bioinformatyczne. Przegląd najpopularniejszych formatów generowanych lub wymaganych przez oprogramowanie bioinformatyczne. Wyszukiwanie podobnych sekwencji w bazach danych. Parametry wyszukiwania i analizy statystycznej wyników (BLAST). Analizy sekwencji za pomocą różnego oprogramowania (Chromas, MEGA, Geneious). Przyrównanie (alignment) sekwencji z użyciem różnego oprogramowania (np. MEGA, Geneious). Przyrównania sekwencji nukleotydów i aminokwasów. Analiza filogenetyczna: wybór modelu substytucji nukleotydów i aminokwasów, konstrukcja drzew filogenetycznych różnymi metodami: maksymalnej parsymonii, dystansu genetycznego, maksymalnego prawdopodobieństwa, wnioskowania bayesowskiego, weryfikacja poprawności wygenerowanych drzew filogenetycznych (np. oprogramowanie Geneious, MEGA). Składanie odczytów z sekwencjonowania Sangera w konsensus i poszukiwanie otwartych ramek odczytu (ORF-Finder). Projektowanie starterów przy użyciu różnych programów: PRIMER3, PrimerQuest, OligoAnalyzer. Poszukiwanie sekwencji chimerycznych (np. oprogramowanie Bellerophon). Dobre praktyki przy stosowaniu AI w pracy naukowej.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się

Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
Nabyte umiejętności zostaną zweryfikowane poprzez samodzielnie wykonanie zadań bioinformatycznych w trakcie zaliczenia praktycznego. Poprawność analiz oraz interpretacja rezultatów będą oceniane.	51.0%	100.0%

Zalecana lista lektur

Podstawowa lista lektur	Applied Bioinformatics - An Introduction, Paul M. Selzer Richard J. Marhöfer, Oliver Koch. Druga edycja. 2018 Bioinformatics. A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Redakcja naukowa: A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette. Bioinformatics and Molecular Evolution. Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood. Studenci będą samodzielnie wyszukiwać publicznie dostępne materiały, korzystając m.in. z elektronicznych źródeł informacji.
Uzupełniająca lista lektur	Bioinformatics. Sequence and genome analysis". D.W. Mount. 2001.
Adresy eZasobów	

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania

Realizowane zagadnienia dotyczą uzyskania praktycznego doświadczenia w: pozyskaniu informacji z ogólnodostępnych bioinformatycznych baz danych, przeprowadzeniu przyrównań sekwencji, uzyskaniu sekwencji konsensusowych, wykonaniu analiz filogenetycznych, dobrych praktykach przy stosowaniu AI w pracy naukowej, poszukiwaniu genów i zdeterminowaniu ich funkcji.

Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu

Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.