Uniwersytet Gdański

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka i Modelowanie Molekularne - ćw. audytoryjne , PG_00117383		
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	10.0	0.0	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	2.0	13.0	25

Cel przedmiotu	Zapoznanie studentów z wiedzą z zakresu bioinformatyki, pozwalającą na świadome wykorzystywanie metod i narzędzi bioinformatycznych stosowanych w biotechnologii morskiej. Studenci nabędą umiejętność korzystania z informacji naukowej, w szczególności baz danych, zawierających informacje niezbędne do przeprowadzania operacji z zakresu analiz bioinformatycznych. Studenci zostaną zapoznani z podejściami do zbierania i analizowania danych z wykorzystaniem oprogramowania ogólnodostępnego i komercyjnego, a także metod depozycji pozyskanych danych w publicznych bazach danych. Studenci nabędą umiejętność projektowania eksperymentów *in silico*.

Efekty uczenia się przedmiotu

Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
[MBMU2-KW04] Zna i rozumie w pogłębionym stopniu zaawansowane metody badawcze stosowane w biotechnologii morskiej i naukach z nią powiązanych	[BIOTECHMU2_W05] Absolwent zna i rozumie metody stosowane w naukach ścisłych i przyrodniczych, niezbędne do zrozumienia zjawisk i procesów biologicznych na poziomie molekularnym Student ma wiedzę na temat metod stosowanych w bioinformatyce. [BIOTECHMU2_U02] Absolwent potrafi zbierać i interpretować dane empiryczne; stosować metody statystyczne i narzędzia bioinformatyczne w analizie danych; formułować wnioski na podstawie danych empirycznych Student potrafi zbierać dane z sekwencyjnowania, wykonywać analizy przy użyciu narzędzi bioinformatycznych i wyciągać wnioski na podstawie uzyskanych wyników. [BIOTECHMU2_U04] Absolwent potrafi biegle korzystać z informacji naukowych, w tym anglojęzycznych informacji na temat biotechnologii morskiej; analizować i krytycznie wybierać informacje; korzystać ze źródeł elektronicznych; korzystać z odpowiednich baz danych Student potrafi korzystać z publicznie dostępnych baz danych bioinformatycznych w celu pobrania pożądanych informacji i krytycznej ich analizy.	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SW5] realizacja zadania problemowego

Treści przedmiotu

Wprowadzenie teoretyczne, instrukcje i odpowiedzi na często zadawane pytania: 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 (np. 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
Wiedza teoretyczna zdobyta w trakcie kursu będzie weryfikowana za pomocą quizów (jeden quiz na każde spotkanie).	51.0%	50.0%
Nabyte umiejętności zostaną zweryfikowane poprzez samodzielnie wykonaną analizę bioinformatyczną, interpretację wyników i przygotowanie raportu. Raporty z zajęć będą wymagane do zaliczenia kursu.	51.0%	50.0%

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 teoretycznego przygotowania do: pozyskania informacji z ogólnodostępnych bioinformatycznych baz danych, przeprowadzenia przyrównań sekwencji, uzyskania sekwencji konsensusowych, wykonania analiz filogenetycznych, dobrych praktyk przy stosowaniu AI w pracy naukowej, poszukiwania genów i zdeterminowania ich funkcji.
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.