

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka w diagnostyce - wykład (Wykład), PG_00147787						
Kierunek studiów	Genetyka i biologia eksperymentalna (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2025 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2027/2028		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie		Grupa zajęć		Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	3		Język wykładowy		polski		
Semestr studiów	6		Liczba punktów ECTS		2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		egzamin		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		prof. dr hab. Marek Ziętara				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	30.0	0.0	0.0	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		3.0		17.0	50
Cel przedmiotu	Celem przedmiotu jest zapoznanie studentów z zaawansowanymi narzędziami bioinformatycznymi, z technikami filogenetyki molekularnej, z elementami bioinformatyki strukturalnej i z podstawami genomiki						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[GBEL3_W01] budowę i właściwości podstawowych typów makrocząsteczek biologicznych, mechanizmy molekularne szlaków metabolizmu podstawowego i przepływu informacji genetycznej oraz źródła zmienności genetycznej organizmów i mechanizmy ewolucji; objaśnia reguły dziedziczenia, wyjaśnia różnice w budowie i funkcjonowaniu komórki prokariotycznej i eukariotycznej oraz budowę i zależności funkcjonalne na poziomie komórkowym i tkankowym		Opisuje budowę i właściwości makromolekuł, a także wyjaśnia reguły ich dziedziczenia. Zna zasady ewolucji sekwencji, struktury i funkcji DNA.		[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny		
	[GBEL3_W08] technologię informacyjną stosowaną w genetyce i biologii eksperymentalnej		Zna zasady działania programów do analiz bioinformatycznych oraz wybrane metody konstrukcji i interpretacji drzew filogenetycznych opartych o sekwencje DNA i białek.		[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny		

Treści przedmiotu	Wykład: Ewolucja molekularna w ujęciu bioinformatycznym. Omówienie związków filogenetycznych diagnozowanych taksonów u wybranego modelu badawczego. Charakterystyka i interpretacja drzew filogenetycznych (omówienie wiarygodności topologii drzewa, zjawisko duplikacji genów - ortologi i paralogi, zjawisko niekompletnego sortowania linii filogenetycznych, zjawiska przyciągania długich gałęzi, hybrydyzacja, problem grupy zewnętrznej). Zagadnienie zegara molekularnego. Wybrane struktury RNA/ białek. Omówienie i porównywanie genomów u wybranego modelu badawczego.								
Wymagania wstępne i dodatkowe	w. formalne: zaliczenie ćwiczeń z Bioinformatyki w diagnostyce przed dopuszczeniem do egzaminu. w. wstępne: Wiedza i umiejętności z Podstaw bioinformatyki. w. dodatkowe: 1. Student ma obowiązek uczestniczenia w zajęciach, a w razie nieobecności należy ją usprawiedliwić zgodnie z par. 12 Regulaminu Studiów UG. 2. Warunkiem zaliczenia wykładu jest obecność na co najmniej 80% zajęć. 3. Student ma obowiązek uzupełnić braki w wiedzy i umiejętnościach spowodowane nieobecnością na wykładach we własnym zakresie, natomiast braki w wiedzy i umiejętnościach spowodowane nieobecnością na ćwiczeniach w sposób i w terminie wskazanym przez Prowadzącego zajęcia.								
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	<table><tr><td>Sposób oceniania (składowe)</td><td>Próg zaliczeniowy</td><td>Składowa oceny końcowej</td></tr><tr><td>Egzamin pisemny</td><td>51.0%</td><td>100.0%</td></tr></table>			Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej	Egzamin pisemny	51.0%	100.0%
Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej							
Egzamin pisemny	51.0%	100.0%							
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu): A.1. wykorzystywana podczas zajęć Jin Xiong. Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego A.2. studiowana samodzielnie przez studenta Barry G. Hall Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego artykuły naukowe wskazane przez prowadzącego zajęcia							
	Uzupełniająca lista lektur	B. Literatura uzupełniająca Baxevanis A.D., Ouellette B.F. (red.) (2005) Bioinformatyka - podręcznik do analizy genów i białek. PWN, ISBN 83-01-142111 Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood (2008) Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, ISBN: 978-83-01-15494-3							
	Adresy eZasobów								
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Nie dotyczy								
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy								

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.