

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka - aplikacje , PG_00153621						
Kierunek studiów	Biotechnologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2025 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2025/2026		
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						
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	• Zapoznanie studentów z wiedzą pozwalającą na świadome stosowanie metod i narzędzi bioinformatycznych wykorzystywanych w biotechnologii i innych dziedzinach nauki. • Student zdobędzie umiejętność korzystania z informacji naukowej ze szczególnym uwzględnieniem baz danych zawierających informacje niezbędne w prowadzeniu analiz bioinformatycznych • Studenci posiadają praktyczne umiejętności zbierania i analizy danych oraz ich opracowywania i przygotowania do zdeponowania w publicznych bazach danych. • Studenci zdobędą umiejętność projektowania eksperymentów <i>in silico</i>.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[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	Student potrafi korzystać z publicznie dostępnych bioinformatycznych baz danych i pozyskiwać pożądane informacje, a następnie krytycznie je przeanalizować.	[SU2] presentation/project/paper/report [SU5] implementation of a problem task
	[BIOTECHMU2_U02] Zbiera i interpretuje dane empiryczne; w analizie danych stosuje metody statystyczne i narzędzia informatyczne; formułuje wnioski w oparciu o dane empiryczne	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.	[SU2] presentation/project/paper/report [SU5] implementation of a problem task
	[BIOTECHMU2_W05] Posiada wiedzę w zakresie metod stosowanych w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną dla zrozumienia zjawisk i procesów biologicznych na poziomie molekularnym	Student posiada wiedzę w zakresie metod stosowanych w bioinformatyce.	[SW4] test/exam - oral or written
Treści przedmiotu	- Przeszukiwanie sekwencyjnych bazy danych oraz popularnych serwerów bioinformatycznych. - Przegląd najpopularniejszych formatów sekwencji z uwzględnieniem wymogów typowego oprogramowania bioinformatycznego. - Szukanie podobnych sekwencji w bazach danych. Parametry poszukiwania i statystyczna analiza wyników (BLAST). - Analiza sekwencji z wykorzystaniem różnego oprogramowania (Chromas, Bioedit, Geneious, Ugene, Bionumerics). - Porównywanie sekwencji (porównania pary sekwencji, porównania wielu sekwencji) za pomocą różnych programów m.in. Clustal, Bioedit, MEGA, Geneious, Bionumerics. - Badanie podobieństwa sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych. - Składanie większych fragmentów sekwencji (Geneious, MEGA, i in. programy) oraz wyszukiwanie otwartych ramek odczytu (ORF-Finder). - Składanie i adnotacja genomu (RAST, Geneious, KEGG) - Wyszukiwanie klastrow genów kodujących metabolity wtórne (platforma antiSMASH) - Wyszukiwanie plazmidów (oprogramowanie plasmidfinder), profagów (Phaster), mobilnych elementów genetycznych (ICEfinder) w danych NGS - 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 (Geneious, MEGA, i in. programy). - Projektowanie starterów w wykorzystaniem różnych programów: : PRIMER3, PrimerQuest, OligoAnalyzer. - Analiza restrykcyjna in silico. - Analiza sekwencji uzyskanych z biblioteki klonów, Wyodrębianie najmniejszych jednostek taksonomicznych (OTU) (program mothur) i wariantów sekwencji amplikonu AVS (K-base). - Wyszukiwanie sekwencji chimerycznych (program Bellerophon). - Podstawowa genomika porównawcza (konstruowanie profili filogenetycznych, wyszukiwanie rejonów plastyczności genomowej, określenie pangenu, genów rdzeniowych (core genom), genów unikalnych dla poszczególnych szczepów (dispensable genes), - IMG, Microbial Genome Annotation & Analysis Platform, Edgar 3, K-base, KEGG). - Porównanie sekwencji genomowych z wykorzystaniem metod OGR1: hybrydyzacja DNA-DNA <i>in silico</i>, średnia identyczność nukleotydowa (ANI) (platformy: TYGS, Jspecies - Składanie i adnotacja genomu, przewidywanie funkcji białek (RAST, Geneious, KEGG, BioCyc)		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Wiedza nabyta na zajęciach zostanie zweryfikowana w formie testu	0.0%	20.0%
	Do zaliczenia przedmiotu konieczne będą raporty ze wszystkich zajęć.	0.0%	20.0%
	Zdobyte umiejętności zostaną zweryfikowane w pracy zaliczeniowej polegającej na samodzielnym przeprowadzeniu analizy bioinformatycznej	0.0%	60.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	• Wprowadzenie do bioinformatyki. Arthur Lesk. PWN 2019 • Applied Bioinformatics - An Introduction, Paul M. Selzer Richard J. Marhöfer, Oliver Koch. Second Edition.2018 • "Bioinformatyka - Podręcznik do analizy genów i białek". Tytuł oryginalny: Bioinformatics. A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Redakcja naukowa: A.D. Baxevaris, B.F.F. Ouellette. Tłumaczenie: Małgorzata Cebart, Jacek Leluk, Paweł Mackiewicz. Wydanie 2005. • "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.
	Uzupełniająca lista lektur	• Bioinformatics. Sequence and genome analysis". D.W. Mount. 2001. • Studenci samodzielnie wyszukują materiały dotyczące zajęć korzystając m.in. z elektronicznych źródeł informacji.
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.