Uniwersytet Gdański

Karta przedmiotu

| | | | |
|---|---|---|---|
| Nazwa i kod przedmiotu | Bioinformatyka i modelowanie molekularne - ćwiczenia laboratoryjne , PG_00193132 | | |
| Kierunek studiów | Marine Biotechnology (O) | | |
| Data rozpoczęcia studiów | październik 2026 r. | Rok akademicki realizacji przedmiotu | 2027/2028 |
| 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 | 2.0 |
| 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 | 20.0 | 0.0 | 0.0 | 20 |
| | 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 | 20 | 1.0 | 29.0 | 50 |

| 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-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<br>[SU6] demonstracja umiejętności praktycznych |
| [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 |

**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.<br><br>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.