Uniwersytet Gdański

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyczna analiza sekwencji, PG_00193520		
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)		
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 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	2	Język wykładowy	polski
Semestr studiów	3	Liczba punktów ECTS	6.0
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. Stanisław Ołdziej, prof. UG	
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		

Formy zajęć							
	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	45.0	0.0	0.0	60
	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	60	0.0	90.0	150

Cel przedmiotu	Celem kształcenia jest zapoznanie studenta z podstawowymi narzędziami stosowanym w bioinformatyce do analizy sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych (KW_04) oraz umiejętnością ich stosowania (KU_03). Student zapozna się też z podstawowymi bazami danych stosowanymi w bioinformatyce, oraz metodami wyszukiwania informacji (KU_05), pozna tez problem dynamicznych zmian zachodzących w metodach i sposobach gromadzenia i przetwarzania informacji (KS_01)

Efekty uczenia się przedmiotu

Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
[BIOINL3_U03] Stosuje metody matematyczne i statystyczne do opisu zjawisk i analizy danych; posiada umiejętność analizy danych w profesjonalnych bazach danych wykorzystywanych w bioinformatyce	• Macierze substytucji • Algorytmy do porównywania sekwencji • Algorytmy do zestawiania wielu sekwencji	[SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport
[BIOINL3_U05] Posiada umiejętność korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej bioinformatyki; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada umiejętność korzystania z właściwych baz danych	• Wyszukiwanie informacji zdeponowanych w biologicznych bazach danych	[SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport
[BIOINL3_W04] Ma zaawansowaną wiedzę w zakresie technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce	• Eksperymentalne metody pozyskiwania sekwencji aminokwasowych i nukleotydowych ze szczególnym naciskiem na metody wysokoprzepustowe • Bazy danych gromadzących dane biologiczne (sekwencje aminokwasowe, nukleotydowe, struktury biomolekuł, szlaki metaboliczne, dane medyczne)	[SW2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SW3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna
[BIOINL3_K01] Ma świadomość ograniczeń własnej wiedzy i umiejętności; wykazuje gotowość stałego doskonalenia, aktualizowania wiedzy i podnoszenia kwalifikacji w zakresie bioinformatyki	Umie krytycznie ewaluować wyniki symulacji	[SK2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SK3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna

Treści przedmiotu

Treści wykładowe:

- Eksperymentalne metody pozyskiwania sekwencji aminokwasowych i nukleotydowych ze szczególnym naciskiem na metody wysokoprzepustowe
- Bazy danych gromadzących dane biologiczne (sekwencje aminokwasowe, nukleotydowe, struktury biomolekuł, szlaki metaboliczne, dane medyczne)
- Macierze substytucji
- Algorytmy do porównywania sekwencji
- Algorytmy do zestawiania wielu sekwencji

Treść ćwiczeń laboratoryjnych:

- Wyszukiwanie informacji zdeponowanych w biologicznych bazach danych
- Porównywanie sekwencji białkowych i/lub kwasów nukleinowych
- Porównywanie wielu sekwencja tworzenie zestawień i ich analiza
- Wizualizacja wyników

Wymagania wstępne i dodatkowe

Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się

Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
kolokwium	51.0%	70.0%
sprawdzian	51.0%	30.0%

Zalecana lista lektur

Podstawowa lista lektur	• P.G. Higgs, T.K. Attwood. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, 2008 • A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette (red.) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Wiley-Liss, Inc. 2005.
Uzupełniająca lista lektur	• literatura polecana przez prowadzących na zajęciach
Adresy eZasobów	

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania

n

Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu

Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.