

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				
	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 też 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	<ul style="list-style-type: none"> • 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	<ul style="list-style-type: none"> • 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	<ul style="list-style-type: none"> • 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	<p>Treści wykładowe:</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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 <p>Treść ćwiczeń laboratoryjnych:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Wyszukiwanie informacji zdeponowanych w biologicznych bazach danych • Porównywanie sekwencji białkowych i/lub kwasów nukleinowych • Porównywanie wielu sekwencji tworzenie zestawień i ich analiza • Wizualizacja wyników 		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych 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	<ul style="list-style-type: none"> • 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	<ul style="list-style-type: none"> • 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.