Uniwersytet Gdański

KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez Unię Europejską w ramach Europejskiego Funduszu Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI FUNDUSZ SPOŁECZNY

Nazwa przedmiotu

Bioinformatyka dla biologów

Kod ECTS

13.1.1462

Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot

Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki

Studia

wydział	kierunek		
Wydział Biologii	Biologia	poziom	pierwszego stopnia
		forma	stacjonarne
		moduł specjalnościowy	wszystkie
		specjalizacja	wszystkie

Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)

prof. dr hab. Marek Ziętara; dr Beata Guzow-Krzemińska; dr Aleksandra Naczk; dr Marcin Górniak

Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin

Formy zajęć

Wykład, Ćw. laboratoryjne

Sposób realizacji zajęć

zajęcia w sali dydaktycznej

Liczba godzin

Ćw. laboratoryjne: 30 godz., Wykład: 15 godz.

Liczba punktów ECTS

3

a) Praca w kontakcie z nauczycielem:
- udział w wykładach: 15 godzin
- udział w ćwiczeniach: 30 godzin
- udział w konsultacjach: 4 godziny

b) Praca samodzielna studenta:
- przygotowanie się do zajęć, przygotowanie się do zaliczenia: 26 godzin

Razem: 75 godzin

Termin realizacji przedmiotu

2022/2023 zimowy

Status przedmiotu

obowiązkowy

Język wykładowy

polski

Metody dydaktyczne

- Wykład:
  wykład z prezentacją multimedialną
- Ćwiczenia laboratoryjne:
  prezentacja multimedialna w zakresie teoretycznej wiedzy wprowadzającej, praca indywidualna z komputerem

Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne

Sposób zaliczenia

Zaliczenie na ocenę

Formy zaliczenia

wykład: termin I - test pisemny; termin poprawkowy - test pisemny
ćwiczenia: ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru (40%) oraz oceny z kolokwium (60%)

Podstawowe kryteria oceny

Warunkiem zaliczenia przedmiotu:
- test zaliczeniowy (wykład)
- obecność na zajęciach

1. Student ma obowiązek uczestniczenia w zajęciach, a w razienieobecności należy ją usprawiedliwić zgodnie z par. 12 Regulaminu Studiów UG.
2. Warunkiem zaliczenia wykładu jest obecność na co najmniej 80% zajęć, natomiast warunkiem zaliczenia ćwiczeń jest uczestnictwo w co najmniej 85% zajęć.
3. Student ma obowiązek uzupełnić braki w wiedzy i umiejętnościach spowodowane nieobecnością na wykładach we własnym zakresie, natomiast braki w wiedzy i umiejętnościach spowodowanne nieobecnością na ćwiczeniach w sposób i w terminie wskazanym przez Prowadzącego zajęcia.

Sposób weryfikacji założonych efektów uczenia się

Zakładany efekt kształcenia	Sposób weryfikacji
Wiedza	
B_W11	sprawdzian cząstkowy/kolokwium
B_W12	sprawdzian cząstkowy/kolokwium
Umiejętności	
B_U04	sprawdzian cząstkowy/kolokwium
Kompetencje	
B_K04	obserwacja studenta na zajęciach

Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi

A. Wymagania formalne
Brak.

B. Wymagania wstępne
Brak.

Cele kształcenia

Zapoznanie studentów z zaawansowanymi narzędziami bioinformatycznymi do podstaw: filogenetyki molekularnej, bioinformatyki strukturalnej, genomiki i proteomiki oraz analizy zmienności genetycznej.

Treści programowe

Wprowadzenie do biologicznych baz danych. Przyrównanie sekwencji. Modele substytucji DNA. Wprowadzenie do filogenetyki molekularnej. Konstruowanie drzew filogenetycznych na wybranym modelu badawczym - metody i programy. Zasada zegara molekularnego. Przewidywanie genów i promotorów. Bioinformatyka strukturalna. Mapowanie, składanie i porównywanie genomów. Wprowadzenie do genomiki funkcjonalnej i proteomiki. Analiza zmienności genetycznej.

Wykaz literatury

A. Literatura wymagana do ostatecznegoo zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):
A1. wykorzystywana podczas zajęć: Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego
A2. studiowana samodzielnie przez studenta: Barry G. Hall Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnitwo Uniwersytetu Warszawskiego
B. Literatura uzupełniająca:
Baxevanis A.D., Oullette 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
Ziętara M.S. and Lumme J. 2004. Comparison of molecular phylogeny and morphological systematics in fish parasite genus Gyrodactylus Nordmann, 1832 (Monogenea, Gyrodactylidae). Zoologica Poloniae 49/1-4: 5-28

Kierunkowe efekty uczenia się

B_W11, B_W12, B_U04, B_K06

Wiedza

Student ma wiedzę na temat działania programów do analiz bioinformatycznych oraz metod konstrukcji i interpretacji drzew filogeneetycznych opartych o sekwencje DNA i bialek (B_W11). Student zna zasady analizy struktury i funkcji DNA i białek (B_W12).

Umiejętności

Student stosuje narzędzia bioinformatyczne do klasteryzacji danych biologicznych oraz uzyskania struktur II i III rzędowych cząstek biologicznych (B_U04).

Kompetencje społeczne (postawy)

Student jest odpowiedzialny za powierzony sprzęt komputerowy, materiały, własną pracę oraz szanuje pracę innych (B_K06).

Kontakt

marek.zietara@biol.ug.edu.pl