KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI
Projekt współfinansowany przez Unię Europejską w ramach Europejskiego Funduszu Społecznego
UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI FUNDUSZ SPOŁECZNY

Nazwa przedmiotu	Kod ECTS
Bioinformatyka dla biologów	13.1.1462

Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot

Katedra Ewolucji Molekularnej

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 Aleksandra Naczk; dr Beata Guzow-Krzemińska; 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

Wykład: 15 godz., Ćw. laboratoryjne: 30 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

2021/2022 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. 11Regulaminu 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 - 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

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