


KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

 Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY


Nazwa przedmiotu		Kod ECTS	
Wstęp do bioinformatyki		13.0.0377	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia
Wydział Biologii	Biologia medyczna	forma	stacjonarne
		moduł	neurobiologia, diagnostyka molekularno-biochemiczna, Podstawowa
		specjalnościowy	
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
dr Beata Guzow-Krzemińska; dr Marcin Górniak; mgr Magdalena Kosecka			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		3	
Ćw. laboratoryjne		ćwiczenia 30 godzin.	
Sposób realizacji zajęć		Konsultacje: 8 godzin	
zajęcia on-line, zajęcia w sali dydaktycznej		Praca samodzielna studenta - przygotowanie projektu i prezentacji: 16 godzin	
Liczba godzin		Przygotowanie do sprawdzianów, zapoznanie z literaturą: 21 godzin	
Ćw. laboratoryjne: 30 godz.		Razem: 75 godzin	
Termin realizacji przedmiotu			
2022/2023 zimowy			
Status przedmiotu		Język wykładowy	
obowiązkowy		polski	
Metody dydaktyczne		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne	
Projektowanie doświadczeń		Sposób zaliczenia	
		Zaliczenie na ocenę	
		Formy zaliczenia	
		- wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja	
		- ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen częściowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru	
		- sprawdzian pisemny	
		Podstawowe kryteria oceny	
		Warunkiem zaliczenia przedmiotu jest (wszystkie elementy muszą być zaliczone pozytywnie, Ocena wystawiona wg wskaźnika procentowego zgodnie z „Regulaminem studiów UG”):	
		• zaliczenie sprawdzianów obejmujących znajomość baz danych biologicznych oraz analizę sekwencji cząsteczek biologicznych	
		• wykonanie grupowej pracy projektowej oraz jej prezentacja	
		• praca na zajęciach	
		Obecność na zajęciach jest obowiązkowa, dopuszczalne są 2 nieobecności, które (jeśli to możliwe) należy odrobić z inną grupą. W przeciwnym razie, braki w wiedzy i umiejętnościach spowodowane nieobecnością należy uzupełnić w terminie ustalonym z prowadzącym, nie później niż 2 tygodnie od nieobecności i nie później niż do ostatniego dnia zajęć z semestrze.	
Sposób weryfikacji założonych efektów uczenia się			

zakładany efekt kształcenia	Projektowanie doświadczeń
	Wiedza
BM_W14	sprawdzian, raport z projektu, prezentacja, quiz, zadania
BM_W13	sprawdzian, raport z projektu, prezentacja, quiz, zadania
	Umiejętności
BM_U04	sprawdzian, raport z projektu, prezentacja, quiz, zadania
BM_U08	sprawdzian, raport z projektu, prezentacja, quiz, zadania
BM_U14	sprawdzian, raport z projektu, prezentacja, quiz, zadania
	Kompetencje
BM_K03	raport z projektu, prezentacja

Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi**A. Wymagania formalne**

- Molekularne podstawy biologii medycznej

B. Wymagania wstępne

Znajomość technologii informacyjnych. Umiejętność pracy z komputerem, w tym pakietem MS Office.

Znajomość podstaw biologii molekularnej, typów makrocząsteczek biologicznych oraz podstawowych mechanizmów na poziomie molekularnym.

Znajomość języka angielskiego pozwalająca na pracę z oprogramowaniem i bazami anglojęzycznymi.

Cele kształcenia

Zapoznanie studentów z zasadami BHP i ergonomii pracy przy komputerze.

Zapoznanie studentów z podstawowymi narzędziami bioinformatycznymi oraz metodami analizy sekwencji.

Przygotowanie studentów do korzystania z nowoczesnych narzędzi bioinformatycznych.

Nabycie umiejętności pozyskiwania danych biologicznych z baz danych oraz analizy tych danych.

Treści programowe

Omawiane zagadnienia obejmują następujące treści: zasady BHP i ergonomii pracy przy komputerze; wprowadzenie do baz danych; pozyskiwanie i przetwarzanie informacji biologicznych z wykorzystaniem baz danych biologicznych i biomedycznych - sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, struktur cząsteczek biologicznych, literatury; wprowadzenie do metod analizy sekwencji; przegląd podstawowych narzędzi bioinformatycznych: odczyt i analiza chromatogramów, porównywanie sekwencji, projektowanie starterów, porządkowanie sekwencji, analiza filogenetyczna, wyszukiwanie i wizualizacja struktur trzeciorzędowych cząsteczek biologicznych; klonowanie in silico.

Wykaz literatury

A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):

- Baxevanis A.D., Ouellette B.F. (red.) (2005) Bioinformatyka - podręcznik do analizy genów i białek. PWN, ISBN 83-01-14211-1
- Xiong J. (2011) Podstawy bioinformatyki, PWN, ISBN: 9788323505112

B. Literatura uzupełniająca

- <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1762/>
- <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/>
- Literatura dodatkowa podawana na bieżąco

Kierunkowe efekty uczenia się

Efekty z obszaru nauk przyrodniczych: P1A_W02, P1A_W06, P1A_U05, P1A_K02, P1A_K03

Efekty z obszaru nauk medycznych, nauk o zdrowiu oraz nauk o kulturze fizycznej: M1_U08, M1_K04, M1_K05

Efekty dla kierunku Biologia medyczna: BM_W13, BM_W14, BM_U04, BM_U14, BM_K03

Wiedza

BM_W13 Student ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi bioinformatycznych i rozumie ich znaczenie w analizie danych molekularnych.

BM_W14 Student zna i opisuje zasady wykorzystania narzędzi bioinformatycznych do analizy danych i interpretacji zjawisk i procesów biologicznych.

Umiejętności

BM_U04 Student stosuje podstawowe narzędzia bioinformatyczne do analizy danych biologicznych.

BM_U08 Student potrafi przeanalizować sekwencje cząsteczek biologicznych oraz potrafi interpretować wyniki prostych analiz bioinformatycznych.

BM_U14 potrafi określić priorytety i zorganizować pracę małego zespołu oraz efektywnie pracować w zespole

Kompetencje społeczne (postawy)

BM_K03 jest świadomy własnych ograniczeń i wie, kiedy zwrócić się do ekspertów

Kontakt

beata.guzow-krzeminska@ug.edu.pl