



**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 w diagnostyce  |                                     | 13.1.1707   |                    |
| Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot   |                                     |   |                    |
| Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki  |                                     |   |                    |
| Studia  |                                     |   |                    |
| wydział   | kierunek                            | poziom  | pierwszego stopnia |
| Wydział Biologii  | Genetyka i biologia eksperymentalna | forma   | stacjonarne        |
|   |                                     | moduł   | wszystkie          |
|   |                                     | specjalnościowy   | wszystkie          |
|   |                                     | specjalizacja   | wszystkie          |
| Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)  |                                     |   |                    |
| prof. dr hab. Marek Ziętara; dr Magdalena Kosecka; dr Marcin Górniak; dr Beata Guzew-Krzemińska   |                                     |   |                    |
| Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin  |                                     | Liczba punktów ECTS   |                    |
| Formy zajęć   |                                     | 5   |                    |
| Wykład, Ćw. laboratoryjne   |                                     | a) Praca w kontakcie z nauczycielem:  |                    |
| Sposób realizacji zajęć   |                                     | - udział w wykładach: 30 godzin   |                    |
| zajęcia w sali dydaktycznej   |                                     | - udział w ćwiczeniach: 30 godzin   |                    |
| Liczba godzin   |                                     | - udział w konsultacjach: 3 godzin  |                    |
| Ćw. laboratoryjne: 30 godz., Wykład: 30 godz.   |                                     | b) Praca samodzielna studenta:  |                    |
|   |                                     | - przygotowanie się do zajęć, przygotowanie się do zaliczenia: 62 godziny   |                    |
|   |                                     | RAZEM: 125 godziny  |                    |
| Termin realizacji przedmiotu  |                                     |   |                    |
| 2023/2024 letni   |                                     |   |                    |
| Status przedmiotu   |                                     | Język wykładowy   |                    |
| obowiązkowy   |                                     | polski  |                    |
| Metody dydaktyczne  |                                     | Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne  |                    |
| <ul style="list-style-type: none"><li>- Wykład z prezentacją multimedialną</li><li>- prezentacja multimedialna w zakresie teoretycznej wiedzy wprowadzającej, praca indywidualna z komputerem</li></ul> |                                     | Sposób zaliczenia   |                    |
|   |                                     | - Zaliczenie na ocenę   |                    |
|   |                                     | - Egzamin   |                    |
|   |                                     | Formy zaliczenia  |                    |
|   |                                     | wykład: termin I - egzamin pisemny, testowy; termin poprawkowy - egzamin pisemny, testowy   |                    |
|   |                                     | 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:  |                    |
|   |                                     | - egzamin/zaliczenia  |                    |
|   |                                     | - obecność na zajęciach   |                    |
|   |                                     | 1. Student ma obowiązek uczestniczenia w zajęciach, a w razie nieobecności 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 spowodowane nieobecnością na ćwiczeniach w sposób i w terminie wskazanym przez Prowadzącego zajęcia |                    |

| Sposób weryfikacji założonych efektów uczenia się   |   |        |
|---|---|--------|
| zakładany efekt kształcenia   | Ćwiczenia   | Wykład |
|   | Wiedza  |        |
| GM1_W01   | sprawdzian cząstkowy/kolokwium/egzamin  |        |
| GM1_W08   |   |        |
|   | Umiejętności  |        |
| GM1_U02   | sprawdzian cząstkowy/kolokwium  |        |
| GM1_U04   | obserwacja pracy studenta na zajęciach  |        |
|   | Kompetencje   |        |
| GM1_K08   | obserwacja pracy studenta na zajęciach  |        |
| Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi  |   |        |
| A. Wymagania formalne   |   |        |
| B. Wymagania wstępne  |   |        |
| Wiedza i umiejętności z podstaw bioinformatyki  |   |        |
| Cele kształcenia  |   |        |
| 1. Zapoznanie studentów z zaawansowanymi narzędziami bioinformatycznymi.  |   |        |
| 2. Zapoznanie studentów z technikami filogenetyki molekularnej.   |   |        |
| 3. Zapoznanie studentów z bioinformatyką strukturalną.  |   |        |
| 4. Zapoznanie studentów z podstawami genomiki   |   |        |
| Treści programowe   |   |        |
| <b>Wykład:</b> Ewolucja molekularna w ujęciu bioinformatycznym. Omówienie związków filogenetycznych diagnozowanych taksonów u wybranego modelu badawczego. Charakterystyka i interpretacja drzew filogenetycznych (omówienie wiarygodności topologii drzewa, zjawisko duplikacji genów - ortologi i paralogi, zjawisko niekompletnego sortowania linii filogenetycznych, zjawiska przyciągania długich gałęzi, hybrydyzacja, problem grupy zewnętrznej). Zagadnienie zegara molekularnego. Wybrane struktury RNA/białek. Omówienie i porównywanie genomów u wybranego modelu badawczego.      |   |        |
| <b>Ćwiczenia:</b> Odtworzenia związków filogenetycznych diagnozowanych taksonów u wybranego modelu badawczego. Wykorzystanie narzędzi bioinformatycznych do szczegółowego opisu drzew filogenetycznych w celu ich prezentacji i interpretacji. Szacowanie związków filogenetycznych metodą zegara molekularnego. Zastosowanie metod bioinformatycznych do przewidywania wybranych struktur RNA/białek. Zastosowanie metod bioinformatycznych do mapowania, składania i porównywania genomów. Wykorzystanie specjalistycznego oprogramowania (np. MEGA, Seaview, BEAST, MrBayes, tRNAscan-SE). |   |        |
| Wykaz literatury  |   |        |
| A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):  |   |        |
| A.1. wykorzystywana podczas zajęć   |   |        |
| Jin Xiong. Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego  |   |        |
| A.2. studiowana samodzielnie przez studenta   |   |        |
| Barry G. Hall Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego   |   |        |
| Lumme J., Ziętara M.S., Lebedeva D. 2017. Ancient and modern genome shuffling: Reticulate mito-nuclear phylogeny of four related allopatric species of Gyrodactylus von Nordmann, 1832 (Monogenea: Gyrodactylidae), ectoparasites on the Eurasian minnow Phoxinus phoxinus (L.) (Cyprinidae). Syst Parasitol (2017) 94:183–200.   |   |        |
| B. Literatura uzupełniająca   |   |        |
| Baxevanis A.D., Ouellette 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   | Wiedza  |        |
| P6U_W: GM1_W01, GM1_W08;  | Opisuje budowę i właściwości makromolekuł, a także wyjaśnia reguły ich dziedziczenia (GM1_W01);   |        |
| P6U_U: GM1_U02, GM1_U04;  | Zna zasady działania programów do analiz bioinformatycznych oraz wybrane metody konstrukcji i interpretacji drzew filogenetycznych opartych o sekwencje DNA i białek. (GM1_W08) |        |
| P6U_K: GM1_K08,   | Zna zasady ewolucji sekwencji, struktury i funkcji DNA. (GM1_W08);  |        |
|   | Umiejętności  |        |
|   | Student stosuje narzędzia bioinformatyczne do klasteryzacji danych biologicznych i uzyskiwania struktur II i III rzędowych cząstek biologicznych (GM1_U02);                     |        |
|   | Potrafi czytać ze zrozumieniem teksty naukowe z bioinformatyki w języku angielskim i przygotowywać ich przekład na język polski (GM1_U04)                                       |        |

|  |  |
|--|--|
|  | <b>Kompetencje społeczne (postawy)</b> |
| <b>Kontakt</b><br>marek.ziętara@biol.ug.edu.pl |  |

Jest odpowiedzialny za powierzony sprzęt komputerowy/materiały własną pracę  
oraz szanuje pracę innych  
(GM1\_K08)