



**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		13.1.1513	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody			
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)			
dr Beata Guzow-Krzemińska; mgr Magdalena Kosecka; dr Marcin Górniak			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		2	
Ćw. laboratoryjne		Ćwiczenia w laboratorium komputerowym: 30 godzin.	
Sposób realizacji zajęć		Konsultacje: 2 godziny	
zajęcia on-line, zajęcia w sali dydaktycznej		Zaliczenie: 2 godziny	
Liczba godzin		Praca samodzielna studenta – przygotowanie pracy projektowej i prezentacji, przygotowanie do kolokwium: 16 godzin	
Ćw. laboratoryjne: 30 godz.		Razem: 50 godzin	
Termin realizacji przedmiotu			
2021/2022 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>- Praca w grupach</li><li>- Rozwiązywanie zadań</li><li>- Wykład z prezentacją multimedialną</li><li>- prezentowanie wyników analizy</li></ul>		Sposób zaliczenia	
		Zaliczenie na ocenę	
		Formy zaliczenia	
		<ul style="list-style-type: none"><li>- wykonanie pracy zaliczeniowej: przygotowanie pracy projektowej lub prezentacji / przeprowadzenie badań i prezentacja ich wyników (pisemna / ustna) / wykonanie określonej pracy praktycznej</li><li>- ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen częściowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru</li><li>- wykonanie pracy zaliczeniowej - przeprowadzenie badań i prezentacja ich wyników</li><li>- kolokwium</li></ul>	
		Podstawowe kryteria oceny	

	Warunkiem zaliczenia jest obecność na wszystkich zajęciach i czynny w nich udział; dopuszczalna jest 1 nieobecność; którą (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. Warunkiem zaliczenia przedmiotu jest (wszystkie elementy muszą być zaliczone pozytywnie - Ocena wystawiona wg wskaźnika procentowego zgodnie z „Regulaminem studiów UG”): <ul style="list-style-type: none"><li>• zaliczenie kolokwium obejmujących znajomość baz danych biologicznych oraz analizę sekwencji cząsteczek biologicznych</li><li>• wykonanie pracy projektowej oraz prezentacja</li><li>• praca na zajęciach</li></ul>
<b>Sposób weryfikacji założonych efektów uczenia się</b>	
Zakładany efekt kształcenia	Ćwiczenia laboratoryjne
	<b>Wiedza</b>
GM1_W08	Kolokwium, quiz, zadania, praca projektowa
	<b>Umiejętności</b>
GM1_U02	Kolokwium, zadania, praca projektowa
GM1_U07	Zadanie projektowe w grupach, prezentacja w grupach
	<b>Kompetencje społeczne</b>
GM1_K07	Obserwacja postaw studenta (udział w dyskusji, konsultacjach, przygotowywaniu pracy zaliczeniowej itp.)
<b>Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi</b>	
<b>A. Wymagania formalne</b> brak	
<b>B. Wymagania wstępne</b> Znajomość podstaw biologii molekularnej, podstawowych mechanizmów na poziomie molekularnym oraz podstawowych typów makrocząsteczek biologicznych. Co najmniej podstawowa znajomość języka angielskiego	
<b>Cele kształcenia</b>  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	
<b>Treści programowe</b>  Omawiane zagadnienia obejmują następujące treści: zasady BHP i ergonomia 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, wyszukiwanie i wizualizacja struktur trzeciorzędowych cząsteczek biologicznych, klonowanie in silico.	
<b>Wykaz literatury</b>  <b>A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):</b> Baxevanis A.D., Ouellette B.F. (red.) (2005) Bioinformatyka - podręcznik do analizy genów i białek. PWN, ISBN 83-01-14211-1 Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood (2008) Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, ISBN: 978-83-01-15494-3 Xiong J. (2011) Podstawy bioinformatyki, PWN, ISBN: 9788323505112 <b>B. Literatura uzupełniająca</b> <a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1762/">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1762/</a> <a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/</a> <a href="http://www.rasmol.org/software/RasMol_2.7.5_Manual.html">http://www.rasmol.org/software/RasMol_2.7.5_Manual.html</a> Literatura dodatkowa podawana na bieżąco Beata Guzow-Krzemińska, Tomasz Gąsior, Agnieszka Szalewska-Pałasz. 2015. Phylogenetic relationship of the stringent response-related genes of marine bacteria. Acta Biochimica Polonica 62(4): 773-783.	
<b>Kierunkowe efekty uczenia się</b>	<b>Wiedza</b>  Student ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi bioinformatycznych i rozumie ich znaczenie w analizie danych molekularnych, zna i opisuje zasady wykorzystania narzędzi bioinformatycznych do analizy danych i interpretacji zjawisk i procesów biologicznych. (GM1_W08)
GM1_W08 GM1_U02 GM1_U07 GM1_K07	<b>Umiejętności</b>

	Student stosuje podstawowe narzędzia bioinformatyczne do analizy danych biologicznych oraz potrafi przeanalizować sekwencje cząsteczek biologicznych i potrafi interpretować wyniki prostych analiz bioinformatycznych. (GM1_U02) Student potrafi pracować w małej grupie nad otrzymanym zadaniem. (GM1_U07)
	<b>Kompetencje społeczne (postawy)</b>
	Rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu bioinformatyki i innych dziedzin. (GM1_K07)
<b>Kontakt</b>	
beata.guzow-krzeminska@biol.ug.edu.pl	