



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		13.1.1308	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Ewolucji Molekularnej			
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 Beata Guzow-Krzemińska; dr Marcin Górniak			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		3	
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: 2 godziny	
Wykład: 30 godz., Ćw. laboratoryjne: 30 godz.		b) Praca samodzielna studenta:	
		- przygotowanie się do zajęć, przygotowanie się do zaliczenia: 28 godzin	
		RAZEM: 90 godziny	
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		
	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. 11 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 pisemny (test)	
GM1_W08		
	Umiejętności	
GM1_U02	Sprawdzian pisemny (test)	
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 Wstęp do bioinformatyki		
B. Wymagania wstępne brak		
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		
Ewolucja molekularna w ujęciu bioinformatycznym. Odtworzenia związków filogenetycznych diagnozowanych taksonów. Ocena drzew filogenetycznych (charakterystyka i interpretacja, szacowanie wiarygodności topologii drzewa, detekcja zjawiska duplikacji genów, zjawisko niekompletnego sortowania linii filogenetycznych, zjawiska przyciągania długich gałęzi, hybrydyzacji, problem grupy zewnętrznej). Szacowanie związków filogenetycznych metodą zegara molekularnego. Zastosowanie metod bioinformatycznych do przewidywania struktur RNA i białek. Mapowanie, składanie i porównywanie 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; P6U_U: GM1_U02, GM1_U04; P6U_K: GM1_K08,	Opisuje budowę i właściwości makromolekuł, a także wyjaśnia reguły ich dziedziczenia (GM1_W01); Zna zasady działania programów do analiz bioinformatycznych oraz wybrane metody konstrukcji i interpretacji drzew filogenetycznych opartych o sekwencje DNA i białek. (GM1_W08) 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)	
	Kompetencje społeczne (postawy)	
	Jest odpowiedzialny za powierzony sprzęt komputerowy/materiały własną pracę	

	oraz szanuje pracę innych (GM1_K08)
Kontakt	
marek.zietara@biol.ug.edu.pl	