

**Karta przedmiotu**

|  |   |   |  |              |  |   |       |
|--|---|---|--|--------------|--|---|-------|
| Nazwa i kod przedmiotu                   | Bioinformatyka dla biologów (Ćw. laboratoryjne), PG_00132659  |   |  |              |  |   |       |
| Kierunek studiów                         | Biologia (O)  |   |  |              |  |   |       |
| Data rozpoczęcia studiów                 | październik 2026 r.   | Rok akademicki realizacji przedmiotu                      |  |              | 2028/2029  |   |       |
| Poziom kształcenia                       | I stopnia - licencjackie  | Grupa zajęć   |  |              | Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów |   |       |
| Forma studiów                            | stacjonarne   | Sposób realizacji   |  |              | na uczelni   |   |       |
| Rok studiów                              | 3   | Język wykładowy   |  |              | polski   |   |       |
| Semestr studiów                          | 5   | Liczba punktów ECTS                                       |  |              | 2.0  |   |       |
| Profil kształcenia                       | ogólnoakademicki  | Forma zaliczenia  |  |              | zaliczenie   |   |       |
| Jednostka prowadząca                     | Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki   |   |  |              |  |   |       |
| Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców) | Odpowiedzialny za przedmiot   | prof. dr hab. Marek Ziętara                               |  |              |  |   |       |
|  | Prowadzący zajęcia z przedmiotu   |   |  |              |  |   |       |
| Formy zajęć                              | Forma zajęć   | Wykład  | Ćwiczenia  | Laboratorium | Projekt  | Seminarium  | RAZEM |
|  | Liczba godzin zajęć   | 0.0   | 0.0  | 30.0         | 0.0  | 0.0   | 30    |
|  | W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0   |   |  |              |  |   |       |
| Aktywność studenta i liczba godzin pracy | Aktywność studenta  | Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów | Udział w konsultacjach   |              | Praca własna studenta                                |   | RAZEM |
|  | Liczba godzin pracy studenta  | 30  | 2.0  |              | 18.0   |   | 50    |
| Cel przedmiotu                           | Zapoznanie studentów z zaawansowanymi narzędziami bioinformatycznymi do podstaw: filogenetyki molekularnej, bioinformatyki strukturalnej, genomiki i proteomiki oraz analizy zmienności genetycznej.  |   |  |              |  |   |       |
| Efekty uczenia się przedmiotu            | Efekt kierunkowy  |   | Efekt z przedmiotu   |              |  | Sposób weryfikacji i oceny efektu                           |       |
|  | [BIOLL3_K05] Absolwent jest gotów do odpowiedzialności za bezpieczeństwo pracy własnej i innych oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia i podejmowania odpowiednich działań  |   | Student jest odpowiedzialny za powierzony sprzęt komputerowy, materiały, własną pracę oraz szanuje pracę innych.                                   |              |  | [SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta |       |
|  | [BIOLL3_U04] Absolwent potrafi stosować metody statystyczne oraz algorytmy i techniki informatyczne do opisu zjawisk i analizy danych biologicznych   |   | Student stosuje narzędzia bioinformatyczne do klasteryzacji danych biologicznych oraz uzyskania struktur II i III rzędowych cząstek biologicznych. |              |  | [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport                    |       |
| Treści przedmiotu                        | Wprowadzenie do biologicznych baz danych. Przyrównanie sekwencji. Modele substytucji DNA. Wprowadzenie do filogenetyki molekularnej. Konstruowanie drzew filogenetycznych na wybranym modelu badawczym - 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. |   |  |              |  |   |       |

| Wymagania wstępne i dodatkowe                                     | <p>w. formalne: student ma obowiązek uczestniczenia w wykładzie Bioinformatyka dla biologów.</p> <p>w. dodatkowe:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Student ma obowiązek uczestniczenia w zajęciach, a w razie nieobecności należy ją usprawiedliwić zgodnie z par. 12 Regulaminu Studiów UG.</li> <li>2. Warunkiem zaliczenia ćwiczeń jest uczestnictwo w co najmniej 85% zajęć.</li> <li>3. Student ma obowiązek uzupełnić braki w wiedzy i umiejętnościach spowodowane nieobecnością na ćwiczeniach w sposób i w terminie wskazanym przez Prowadzącego zajęcia.</li> </ol> |  |                   |                         |                          |       |       |           |       |       |  |  |
|---|---|--|-------------------|-------------------------|--------------------------|-------|-------|-----------|-------|-------|--|--|
| Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się     | <table border="1"> <thead> <tr> <th>Sposób oceniania (składowe)</th> <th>Próg zaliczeniowy</th> <th>Składowa oceny końcowej</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Średnia ocen cząstkowych</td> <td>51.0%</td> <td>40.0%</td> </tr> <tr> <td>Kolokwium</td> <td>51.0%</td> <td>60.0%</td> </tr> </tbody> </table>  | Sposób oceniania (składowe)  | Próg zaliczeniowy | Składowa oceny końcowej | Średnia ocen cząstkowych | 51.0% | 40.0% | Kolokwium | 51.0% | 60.0% |  |  |
| Sposób oceniania (składowe)                                       | Próg zaliczeniowy   | Składowa oceny końcowej  |                   |                         |                          |       |       |           |       |       |  |  |
| Średnia ocen cząstkowych  | 51.0%   | 40.0%  |                   |                         |                          |       |       |           |       |       |  |  |
| Kolokwium   | 51.0%   | 60.0%  |                   |                         |                          |       |       |           |       |       |  |  |
| Zalecana lista lektur   | Podstawowa lista lektur   | <p><b>A. Literatura wymagana</b> do ostatecznego zaliczenia zajęć:</p> <p>A1. wykorzystywana podczas zajęć: Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego</p> <p>A2. studiowana samodzielnie przez studenta: Barry G. Hall Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego</p>  |                   |                         |                          |       |       |           |       |       |  |  |
|   | Uzupełniająca lista lektur  | <p><b>B. Literatura uzupełniająca:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Baxevanis A.D., Oullette B.F. (red.) (2005) Bioinformatyka - podręcznik do analizy genów i białek. PWN, ISBN 83-01-142111</li> <li>• Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood (2008) Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, ISBN 978-83-01-15494-3</li> <li>• artykuły naukowe wskazane przez prowadzącego zajęcia</li> </ul> |                   |                         |                          |       |       |           |       |       |  |  |
| Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania | Nie dotyczy   |  |                   |                         |                          |       |       |           |       |       |  |  |
| Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu                             | Nie dotyczy   |  |                   |                         |                          |       |       |           |       |       |  |  |

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.