

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka - aplikacje , PG_00153621						
Kierunek studiów	Biotechnologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2026/2027		
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć			Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	1	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	2	Liczba punktów ECTS			2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr hab. Małgorzata Waleron				
	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		5.0		15.0	50
Cel przedmiotu	<ul style="list-style-type: none"> Zapoznanie studentów z wiedzą pozwalającą na świadome stosowanie metod i narzędzi bioinformatycznych wykorzystywanych w biotechnologii i innych dziedzinach nauki. Student zdobędzie umiejętność korzystania z informacji naukowej ze szczególnym uwzględnieniem baz danych zawierających informacje niezbędne w prowadzeniu analiz bioinformatycznych Studenci posiadą praktyczne umiejętności zbierania i analizy danych oraz ich opracowywania i przygotowania do zdeponowania w publicznych bazach danych. Studenci zdobędą umiejętność projektowania eksperymentów <i>in silico</i>. 						

Efekty uczenia się przedmiotu	<p>Efekt kierunkowy</p> <p>[BIOTECHMU2_U02] Zbiera i interpretuje dane empiryczne; w analizie danych stosuje metody statystyczne i narzędzia informatyczne; formułuje wnioski w oparciu o dane empiryczne.</p>	<p>Efekt z przedmiotu</p> <p>Student potrafi zgromadzić i zinterpretować dane sekwencyjne. Potrafi wykonać podstawowe analizy zastosowaniem narzędzi bioinformatycznych; Potrafi sformułować wnioski w oparciu o dane empiryczne i wyniki przeprowadzonych analiz.</p>	<p>Sposób weryfikacji i oceny efektu</p> <p>[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU5] realizacja zadania problemowego</p>
	<p>[BIOTECHMU2_W05] Posiada pogłębioną wiedzę w zakresie metod stosowanych w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną dla zrozumienia zjawisk i procesów biologicznych na poziomie molekularnym i powiązania tej wiedzy z naukami medycznymi.</p>	<p>Student posiada wiedzę w zakresie metod stosowanych w bioinformatyce.</p>	<p>[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny</p>
	<p>[BIOTECHMU2_U04] Posiada umiejętność biegłego korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej biotechnologii; krytycznie analizuje i selekcjonuje informacje; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada umiejętność korzystania z właściwych baz danych</p>	<p>Student potrafi korzystać z publicznie dostępnych bioinformatycznych baz danych i pozyskiwać pożądane informacje, a następnie krytycznie je przeanalizować.</p>	<p>[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU5] realizacja zadania problemowego</p>
Treści przedmiotu	<ul style="list-style-type: none"> Przeszukiwanie sekwencyjnych bazy danych oraz popularnych serwerów bioinformatycznych. Przegląd najpopularniejszych formatów sekwencji z uwzględnieniem wymogów typowego oprogramowania bioinformatycznego. Szukanie podobnych sekwencji w bazach danych. Parametry poszukiwania i statystyczna analiza wyników (BLAST). Analiza sekwencji z wykorzystaniem różnego oprogramowania (Chromas, Bioedit, Geneious, Ugene, Bionumerics). Porównywanie sekwencji (porównania pary sekwencji, porównania wielu sekwencji) za pomocą różnych programów m.in.Clustal, Bioedit, MEGA, Geneious, Bionumerics. Badanie podobieństwa sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych. Składanie większych fragmentów sekwencji (Geneious, MEGA, i in. programy) oraz wyszukiwanie otwartych ramek odczytu (ORF-Finder). Składanie i adnotacja genomu (RAST, Geneious, KEGG) Wyszukiwanie klastrow genów kodujących metabolity wtórne (platforma antiSMASH) Wyszukiwanie plazmidów (oprogramowanie plasmidfinder), profagów (Phaster), mobilnych elementów genetycznych (ICEfinder) w danych NGS Analiza filogenetyczna: wybór modelu substytucji nukleotydów i aminokwasów, konstrukcja drzew filogenetycznych z wykorzystaniem różnych metod: dystansu genetycznego maksymalnej parsymonii, maksymalnego prawdopodobieństwa oraz wnioskowania Bayesowskiego, weryfikacja poprawności drzew filogenetycznych (Geneious, MEGA, i in. programy). Projektowanie starterów w wykorzystaniu różnych programów: : PRIMER3, PrimerQuest, OligoAnalyzer. Analiza restrykcyjna in silico. Analiza sekwencji uzyskanych z biblioteki klonów, Wyodrębianie najmniejszych jednostek taksonomicznych (OTU) (program mothur) i wariantów sekwencji ampikonu AVS (K-base). Wyszukiwanie sekwencji chimerycznych (program Bellerophon). Podstawowa genomika porównawcza (konstruowanie profili filogenetycznych, wyszukiwanie rejonów plastyczności genomowej, określenie pangenu, genów rdzeniowych (core genom), genów unikalnych dla poszczególnych szczepów (dispensable genes), - IMG, Microbial Genome Annotation & Analysis Platform, Edgar 3, K-base, KEGG). Porównanie sekwencji genomowych z wykorzystaniem metod OGR1: hybrydyzacja DNA-DNA <i>in silico</i>, średnia identyczność nukleotydowa (ANI) (platformy: TYGS, Jspecies Składanie i adnotacja genomu, przewidywanie funkcji białek (RAST, Geneious, KEGG, BioCyc) 		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Zdobyte umiejętności zostaną zweryfikowane w pracy zaliczeniowej polegającej na samodzielnym przeprowadzeniu analizy bioinformatycznej	0.0%	60.0%
	Do zaliczenia przedmiotu konieczne będą raporty ze wszystkich zajęć.	0.0%	20.0%
	Wiedza nabyta na zajęciach zostanie zweryfikowana w formie testu	0.0%	20.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<ul style="list-style-type: none"> • Wprowadzenie do bioinformatyki. Arthur Lesk. PWN 2019 • Applied Bioinformatics - An Introduction, Paul M. Selzer Richard J. Marhöfer, Oliver Koch. Second Edition.2018 • "Bioinformatyka - Podręcznik do analizy genów i białek". Tytuł oryginalny: Bioinformatics. A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Redakcja naukowa: A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette. Tłumaczenie: Małgorzata Cebra, Jacek Leluk, Paweł Mackiewicz. Wydanie 2005. • "Bioinformatyka i ewolucja molekularna". Tytuł oryginalny: Bioinformatics and Molecular Evolution. Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood. Tłumaczenie: Krzysztof Murzyn, Marcin Kurdziel, Piotr Liguziński. Wydanie 2008.
	Uzupełniająca lista lektur	<ul style="list-style-type: none"> • Bioinformatics. Sequence and genome analysis". D.W. Mount. 2001. • Studenci samodzielnie wyszukują materiały dotyczące zajęć korzystając m.in. z elektronicznych źródeł informacji.
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.