

**Karta przedmiotu**

|  |   |   |                           |                        |  |                       |       |
|--|---|---|---------------------------|------------------------|--|-----------------------|-------|
| Nazwa i kod przedmiotu                   | Bioinformatyczna analiza sekwencji, PG_00193520   |   |                           |                        |  |                       |       |
| Kierunek studiów                         | Bioinformatyka (O)  |   |                           |                        |  |                       |       |
| Data rozpoczęcia studiów                 | październik 2026 r.   | Rok akademicki realizacji przedmiotu                      |                           |                        | 2027/2028  |                       |       |
| Poziom kształcenia                       | I stopnia - licencjackie  | Grupa zajęć   |                           |                        | Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów<br>Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki |                       |       |
| Forma studiów                            | stacjonarne   | Sposób realizacji   |                           |                        | na uczelni   |                       |       |
| Rok studiów                              | 2   | Język wykładowy   |                           |                        | polski   |                       |       |
| Semestr studiów                          | 3   | Liczba punktów ECTS                                       |                           |                        | 6.0  |                       |       |
| 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. Stanisław Ołdziej |                        |  |                       |       |
|  | Prowadzący zajęcia z przedmiotu   |   |                           |                        |  |                       |       |
| Formy zajęć                              | Forma zajęć   | Wykład  | Ćwiczenia                 | Laboratorium           | Projekt  | Seminarium            | RAZEM |
|  | Liczba godzin zajęć   | 15.0  | 0.0                       | 45.0                   | 0.0  | 0.0                   | 60    |
|  | 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  | 60  |                           | 0.0                    |  | 90.0                  | 150   |
| Cel przedmiotu                           | Celem kształcenia jest zapoznanie studenta z podstawowymi narzędziami stosowanym w bioinformatyce do analizy sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych (KW_04) oraz umiejętnością ich stosowania (KU_03). Student zapozna się też z podstawowymi bazami danych stosowanymi w bioinformatyce, oraz metodami wyszukiwania informacji (KU_05), pozna też problem dynamicznych zmian zachodzących w metodach i sposobach gromadzenia i przetwarzania informacji (KS_01) |   |                           |                        |  |                       |       |

|  |   |  |  |
|--|---|--|--|
| Efekty uczenia się przedmiotu  | Efekt kierunkowy  | Efekt z przedmiotu   | Sposób weryfikacji i oceny efektu  |
|  | [BIOINL3_U03] Stosuje metody matematyczne i statystyczne do opisu zjawisk i analizy danych; posiada umiejętność analizy danych w profesjonalnych bazach danych wykorzystywanych w bioinformatyce  | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Macierze substytucji</li> <li>• Algorytmy do porównywania sekwencji</li> <li>• Algorytmy do zestawiania wielu sekwencji</li> </ul>  | [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport   |
|  | [BIOINL3_U05] Posiada umiejętność korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej bioinformatyki; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada umiejętność korzystania z właściwych baz danych  | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Wyszukiwanie informacji zdeponowanych w biologicznych bazach danych</li> </ul>  | [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport   |
|  | [BIOINL3_W04] Ma zaawansowaną wiedzę w zakresie technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce  | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Eksperymentalne metody pozyskiwania sekwencji aminokwasowych i nukleotydowych ze szczególnym naciskiem na metody wysokoprzepustowe</li> <li>• Bazy danych gromadzących dane biologiczne (sekwencje aminokwasowe, nukleotydowe, struktury biomolekuł, szlaki metaboliczne, dane medyczne)</li> </ul> | [SW2] prezentacja/projekt/referat/raport<br>[SW3] opracowanie tekstowe/praca pisemna |
| [BIOINL3_K01] Ma świadomość ograniczeń własnej wiedzy i umiejętności; wykazuje gotowość stałego doskonalenia, aktualizowania wiedzy i podnoszenia kwalifikacji w zakresie bioinformatyki | Umie krytycznie ewaluować wyniki symulacji  | [SK2] prezentacja/projekt/referat/raport<br>[SK3] opracowanie tekstowe/praca pisemna   |  |
| Treści przedmiotu  | <p>Treści wykładowe:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Eksperymentalne metody pozyskiwania sekwencji aminokwasowych i nukleotydowych ze szczególnym naciskiem na metody wysokoprzepustowe</li> <li>• Bazy danych gromadzących dane biologiczne (sekwencje aminokwasowe, nukleotydowe, struktury biomolekuł, szlaki metaboliczne, dane medyczne)</li> <li>• Macierze substytucji</li> <li>• Algorytmy do porównywania sekwencji</li> <li>• Algorytmy do zestawiania wielu sekwencji</li> </ul> <p>Treść ćwiczeń laboratoryjnych:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Wyszukiwanie informacji zdeponowanych w biologicznych bazach danych</li> <li>• Porównywanie sekwencji białkowych i/lub kwasów nukleinowych</li> <li>• Porównywanie wielu sekwencji tworzenie zestawień i ich analiza</li> <li>• Wizualizacja wyników</li> </ul> |  |  |
| Wymagania wstępne i dodatkowe  |   |  |  |
| Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się  | Sposób oceniania (składowe)   | Próg zaliczeniowy  | Składowa oceny końcowej  |
|  | kolokwium   | 51.0%  | 70.0%  |
|  | sprawdzian  | 51.0%  | 30.0%  |
| Zalecana lista lektur  | Podstawowa lista lektur   | <ul style="list-style-type: none"> <li>• P.G. Higgs, T.K. Attwood. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, 2008</li> <li>• A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette (red.) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Wiley-Liss, Inc. 2005.</li> </ul>  |  |
|  | Uzupełniająca lista lektur  | <ul style="list-style-type: none"> <li>• literatura polecana przez prowadzących na zajęciach</li> </ul>  |  |
|  | Adresy eZasobów   |  |  |
| Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania  | n   |  |  |
| Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu  | Nie dotyczy   |  |  |

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.