

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioinformatyka dla biologów (Wykład), PG_00207425						
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			1.0		
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	15.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15
	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	15		1.0		9.0	25
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_W04] zna i rozumie w stopniu zaawansowanym metody doświadczalne oraz techniki stosowane w naukach biologicznych, a także zasady oceny i analizy procesów oraz zjawisk przyrodniczych z wykorzystaniem pomiarów fizycznych i chemicznych oraz narzędzi informatycznych do przetwarzania danych i ich interpretacji						
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	w. formalne: zaliczenie ćwiczeń z Bioinformatyki dla biologów przed dopuszczeniem do egzaminu.		
	w. dodatkowe:		
	1. Student ma obowiązek uczestniczenia w zajęciach, a w razie nieobecności należy ją usprawiedliwić zgodnie z par. 12 Regulaminu Studiów UG.		
	2. Warunkiem zaliczenia wykładu jest obecność na co najmniej 80% zajęć.		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	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 oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Test pisemny	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć:	
		A1. wykorzystywana podczas zajęć: Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego	
		A2. studiowana samodzielnie przez studenta: Barry G. Hall Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego	
	Uzupełniająca lista lektur	B. Literatura uzupełniająca:	
		- Baxevanis A.D., Oullette 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 - artykuły naukowe wskazane przez prowadzącego zajęcia	
	Adresy eZasobów		
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Nie dotyczy		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.