|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć:  | **Bioinformatyka** | **ECTS** | **2** |
| Tłumaczenie nazwy na j. angielski: | Bioinformatics |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | Ogrodnictwo |
|  |  |
| Język wykładowy: | polski | Poziom studiów: | I |
| Forma studiów:  | ⌧ stacjonarne🞎 niestacjonarne | Status zajęć: | 🞎 podstawowe⌧ kierunkowe | 🞎 obowiązkowe ⌧ do wyboru | Numer semestru: 6 | 🞎semestr zimowy⌧ semestr letni  |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik):  | **2019/2020** | Numer katalogowy: | **OGR-O1-S-6L49.5** |
|  |
| Koordynator zajęć: | Prof. dr hab. Marcin Filipecki |
| Prowadzący zajęcia: | Prof. dr hab. Marcin Filipecki, dr Marek Koter, Prof. dr hab. Grzegorz Bartoszewski |
| Jednostka realizująca: | Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Instytut Biologii |
| Jednostka zlecająca: | Wydział Ogrodnictwa i Biotechnologii  |
| Założenia, cele i opis zajęć: | Celem nauczania przedmiotu „Bioinformatyka” jest przyblizenie podstawowych pojęć związanych w głównej mierze z analizą lawinowo przyrastających danych sekwencyjnych, strukturalnych i funkcjonalnych. Dane te są ogólnie dostępne rzeszom naukowców i podstawową obecnie umiejętnością każdego biotechnologa jest porównanie i analiza własnych wyników w kontekście innych danych o genomach (transkryptomach, proteomach, metabolomach). W ciągu ostatnich kilkunastu lat powstało wiele baz danych i wiele programów komputerowych pozwalających na korzystanie z wymienionych informacji. Absolwent powinien więc potrafić wybrać odpowiednie narzędzie bioinformatyczne, wykorzystać i należycie zinterpretować otrzymane wyniki. |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | Ćwiczenia: liczba godzin 30 |
| Metody dydaktyczne: | Praktyczne wykonywanie zadań przy komputerze wzbogacone prezentacjami multimedialnymi, konsultacje |
| Wymagania formalne i założenia wstępne: | Student przystępujący do zajęć posiada wiedzę z zakresu podstaw budowy i funkcjonowania genów. Wskazane wcześniejsze zaliczenie przedmiotów: genetyka lub biologia molekularna (lub zbliżonych tematycznie). |
| Efekty uczenia się: | Wiedza:W\_01 – zna metodykę i terminologię dotyczącą sekwencjonowania genów i genomówW\_02 – zna złożoność zapisu genetycznego podstawowych organizmów modelowych i rozumie znaczenie projektów genomowych we współczesnej nauceW\_03 – zna podstawowe bazy danych sekwencji i struktur kwasów nukleinowych i białek oraz format zapisanej tam informacji W\_04 – zna praktyczne korzyści wynikające z bioinformatyki we współczesnym rolnictwie  | Umiejętności:U\_01 – umie wyciągać i obrabiać informacje z podstawowych baz danych sekwencyjnych i literaturowych.U\_02 – umie oceniać wagi danych bioinformatycznych i wyboru odpowiedniego narzędzia do ich obróbki.U\_03 – umie edytować dane sekwencyjnych kw. nukleinowych, ich analizy kompozycyjnej, restrykcyjnej oraz projektowania starterów do podstawowych zastosowań.U\_04 – umie odczytać zapis kodu genetycznego przy pomocy odpowiednich narzędzi i analizy sekwencji białkowej w zakresie kompozycji, właściwości fizyko-chemicznych i strukturalnych. | Kompetencje:K\_01 – jest gotów do zastosowania narzędzi bioinformatycznych do zdobywania informacji potrzebnych w pracach dyplomowych.K\_02 – jest gotów do projektowania prostych testów diagnostycznych opartych o PCRK\_03 – jest gotów do właściwego użycia podstawowych zasobów wiedzy bioinformatycznej  |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | Efekt W\_01, W\_02, W\_03, W\_04 – zaliczenie pisemne (test); Efekt U\_01, U\_02, U\_03, U\_04, K\_01, K\_02, K\_03 – praktyczne rozwiązanie zadań przy komputerze i ustne zinterpretowanie i skomentowanie wyników |
| Forma dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się: | Imienna lista ocen studentów, ocenione testy z adnotacją prowadzącego dot. części ustnej. |
| Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową: | Test końcowy 30%, rozwiązanie i skomentowanie wyników zestawu zadań zaliczeniowych 70% |
| Miejsce realizacji zajęć: | Sala bioinformatyczna z zestawami komputerowymi w sieci LAN dla każdego studenta oraz z rzutnikiem multimedialnym. |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca :* Materiały pomocnicze opracowane przez prowadzących dostępne na stronach: <http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/bioinformatyka.htm> <http://grzegorz_bartoszewski.users.sggw.pl/>
* Baxevanis AD, Ouellette BFF (red.) „Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek.” (2004) PWN.
* Introduction to Bioinformatics. A Theoretical and Practical Approach. Edited by Stephen A. Krawetz and David D. Womble. Humana Press, Totowa, New Jersey, 2003.
* dokumentacja do wykorzystywanych aplikacji w jęz. angielskim dostępna poprzez linki na stronie <http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/filipecki_links.htm>
 |
| UWAGI |

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot:

|  |  |
| --- | --- |
| Szacunkowa sumaryczna liczba godzin pracy studenta (kontaktowych i pracy własnej) niezbędna dla osiągnięcia zakładanych dla zajęć efektów uczenia się - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS: | **64 h** |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | **1,5 ECTS** |

Tabela zgodności kierunkowych efektów uczenia się z efektami przedmiotu:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| kategoria efektu | Efekty uczenia się dla zajęć: | Odniesienie do efektów dla programu studiów dla kierunku | Oddziaływanie zajęć na efekt kierunkowy\*) |
| Wiedza - W\_01 | zna metodykę i terminologię dotyczącą sekwencjonowania genów i genomów | K\_W01; K\_W03; K\_W07; K\_W10 | 2; 3; 3; 3 |
| Wiedza - W\_02 | zna złożoność zapisu genetycznego podstawowych organizmów modelowych i rozumie znaczenie projektów genomowych we współczesnej nauce | K\_W01; K\_W03; K\_W07 | 3; 3; 3 |
| Wiedza - W\_03 | zna podstawowe bazy danych sekwencji i struktur kwasów nukleinowych i białek oraz format zapisanej tam informacji | K\_W11 | 1 |
| Wiedza - W\_04 | zna praktyczne korzyści wynikające z bioinformatyki we współczesnym rolnictwie  | K\_W01; K\_W03; K\_W04; K\_W06; K\_W07; K\_W10; K\_W11 | 3; 3; 3; 3; 3; 3; 1 |
| Umiejętności - U\_01 | umie wyciągać i obrabiać informacje z podstawowych baz danych sekwencyjnych i literaturowych | K\_U01; K\_U07, K\_U08; K\_U11; K\_U12 | 3; 1; 2; 2; 2 |
| Umiejętności - U\_02 | umie oceniać wagi danych bioinformatycznych i wyboru odpowiedniego narzędzia do ich obróbki. | K\_U01; K\_U07, K\_U08; K\_U11; K\_U12 | 3; 1; 2; 2; 2 |
| Umiejętności - U\_03 | umie edytować dane sekwencyjnych kw. nukleinowych, ich analizy kompozycyjnej, restrykcyjnej oraz projektowania starterów do podstawowych zastosowań | K\_U01; K\_U07, K\_U08; K\_U11; K\_U12 | 3; 1; 2; 2; 2 |
| Umiejętności - U\_04 | umie odczytać zapis kodu genetycznego przy pomocy odpowiednich narzędzi i analizy sekwencji białkowej w zakresie kompozycji, właściwości fizyko-chemicznych i strukturalnych | K\_U01; K\_U07, K\_U08; K\_U11; K\_U12 | 3; 1; 2; 2; 2 |
| Kompetencje - K\_01 | jest gotów do zastosowania narzędzi bioinformatycznych do zdobywania informacji potrzebnych w pracach dyplomowych. | K\_K01; K\_K03 | 1; 3 |
| Kompetencje - K\_02 | jest gotów do projektowania prostych testów diagnostycznych opartych o PCR. | K\_K01; K\_K03 | 1; 3 |
| Kompetencje - K\_03 | jest gotów do właściwego użycia podstawowych zasobów wiedzy bioinformatycznej | K\_K01; K\_K03; K\_K04; K\_K05 | 1; 3; 3; 1 |

\*)

3 – znaczący i szczegółowy,

2 – częściowy,

1 – podstawowy,