|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 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 genomów  W\_02 – zna złożoność zapisu genetycznego podstawowych organizmów modelowych i rozumie znaczenie projektów genomowych we współczesnej nauce  W\_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 PCR  K\_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,