|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć:  | **Podstawy bioinformatyki w badaniach nad zdrowotnością roślin** | **ECTS** | **1** |
| Tłumaczenie nazwy na j. angielski: | Basics of bioinformatics in plant health research |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | Ochrona zdrowia roślin |
|  |  |
| Język wykładowy: | polski | Poziom studiów: | I |
| Forma studiów:  | ☒ stacjonarne☐ niestacjonarne | Status zajęć: | ☐ podstawowe☒ kierunkowe | ☒ obowiązkowe ☐ do wyboru | Numer semestru: 4  | ☐ semestr zimowy☒ semestr letni  |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik):  | **2019/2020** | Numer katalogowy: | **OGR-OR1-S-4L40** |
|  |
| Koordynator zajęć: | Prof. dr hab. Marcin Filipecki |
| Prowadzący zajęcia: | Prof. dr hab. Marcin Filipecki, prof. dr hab. Grzegorz Bartoszewski |
| Jednostka realizująca: | Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu; Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin |
| Jednostka zlecająca: | Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu |
| Założenia, cele i opis zajęć: | Celem nauczania przedmiotu „Podstawy bioinformatyki w badaniach nad zdrowotnością roślin” jest przybliżenie podstawowych pojęć związanych, w głównej mierze, z analizą lawinowo przyrastających danych sekwencyjnych, strukturalnych i funkcjonalnych i ich wykorzystaniem w postępie biologicznym. Rozmaite dane, łącznie z informacjami o genach odporności roślin i genach efektorowych czynników chorobotwórczych, są powszechnie dostępne rzeszom naukowców oraz praktyków i podstawową obecnie umiejętnością każdego specjalisty jest korzystanie z nich, porównanie i analiza własnych wyników w kontekście innych danych. W ciągu ostatnich kilkunastu lat powstało wiele baz danych i wiele programów komputerowych pozwalających na korzystanie z wymienionych informacji. Świadom znaczenia genetycznych uwarunkowań odporności specjalista powinien potrafić wybrać odpowiednie narzędzie bioinformatyczne, wykorzystać i należycie zinterpretować otrzymane wyniki. Niezwykle ważną umiejętnością specjalisty ochrony roślin, którą niniejszy przedmiot uczy, jest również sprawne posługiwanie się narzędziami i znajomość terminologii związanej z fizycznymi i genetycznymi mapami, a także rozumienie znaczenia filogenetyki w genetycznym doskonaleniu roślin dla poprawy odpornośi na stresy biotyczne i abiotyczne. Tematyka wykładów: Czym jest i czym się zajmuje bioinformatyka, organizmy modelowe, sekwencja - struktura - funkcja, instytuty bioinformatyczne, bioinformatyka a transkryptom, proteom, metabolom, podstawowe informacje z sekwencji. Biologiczne bazy danych, formaty danych, porównywanie 2 i wielu sekwencji, podobieństwo aminokwasów, tablice podobieństw, współczynnik podobieństwa, poszukiwanie podobieństwa w bazach danych, struktura genów i białek, ewolucja i analiza filogenetyczna. Tematyka ćwiczeń: (1) **Sposoby odczytu i obróbki danych sekwencyjnych (**Edycja sekwencji przy użyciu programu Chromas: interpretacja chromatogramu, poszukiwanie motywu, "odcinanie" sekwencji wektorowych, zapisywanie sekwencji w różnych formatach, generowanie sekwencji komplementarnej i odwróconej. (2) Sporządzanie mapy restrykcyjnej przy użyciu programu REMAP z pakietu EMBOSS. (3) Znajdowanie ramek odczytu przy pomocy aplikacji z pakietu EMBOSS (PLOT ORF, SHOW ORF i GET ORF). Generowanie sekwencji białkowej w oparciu o sekwencje nukleotydową programem TRANSEQ z pakietu EMBOSS. (4) **Podstawowe bazy danych sekwencji (DDBJ, EMBL, GenBank).** Efektywne posługiwanie się bazami, program ENTREZ. **Bazy danych sekwencji białkowych.** Docieranie do różnych źródel informacji biologicznej poprzez server ExPASy, bazy danych: Swiss Prot, PROSITE. (5) **Projektowanie starterów do PCR. Z**asady projektowania starterów, podstawowe parametry, programy: OLIGO, eprimer3 (EMBOSS), PRIME (GCG) (6) **Porównywanie sekwencji** i przeszukiwanie baz danych algorytmami lokalnymi BLAST i FASTA Parametry: gap penalty, gap extension penalty, word size, expect. Dobór tablicy podobienstwa. Udogodnienia (blastx, tblastx itd.) |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | a) wykłady: liczba godzin 5b) ćwiczenia: liczba godzin 10 |
| Metody dydaktyczne: | Wykład - prezentacja multimedialna.Ćwiczenia odbywają się w pracowni komputerowej, gdzie każdy student musi samodzielnie wykonać zaplanowane zadania |
| Wymagania formalne i założenia wstępne: | Wymagania formalne: Przedmioty wprowadzające i wymagania wstępne: genetyka, biologia molekularna, podstawowa obsługa komputera, obsługa przeglądarki internetowej. założenia wstępne Student posiada wiedzę z zakresu podstaw funkcjonowania genów, sposobów dziedziczenia cech, oraz teoretyczna znajomość podstawowych technik eksperymentalnych w biologii molekularnej. |
| Efekty uczenia się: | Wiedza:W\_01 – zna zasady korzystania z podstawowych baz danych sekwencji biologicznych i literatury naukowej | Umiejętności:U\_01 – potrafi edytować i dokonać podstawowego opisu nowo-zsekwencjonowanej cząsteczki kw. nukleinowego, jak i sekwencji kw. nukleinowego i białka z bazy danych, oraz projektować startery do reakcji PCR | Kompetencje:K\_01 – jest gotów do wnioskowania o przypuszczalnej funkcji nieznanej sekwencji biologicznej na podstawie osobiście wykonanych porównań do innych sekwencji w bazach danych  |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | **Efekt: W\_01 - Egzamin - krótki test z materiału wykładowego dopuszczający do części praktycznej, podczas której każdy samodzielnie wykonuje kilka zadań na bazach danych i sekwencjach (U\_01, K\_01).** |
| Forma dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się: | Imienna lista ocen studentów, ocenione testy i zadania zaliczeniowe |
| Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową: | Egzamin - test pisemny 20%, wykonanie zadań na komputerze i ustne skomentowanie wyników 80% |
| Miejsce realizacji zajęć: | Pracownia bioinformatyczna  |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca:1. Adresy wykorzystywanych aplikacji i dokumentacja na ich temat dostępne poprzez stronę:<http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/filipecki_links.htm>**;** Materiały pomocnicze opracowane przez prowadzących dostępne na stronach:<http://marcin_filipecki.users.sggw.pl/bioinformatyka.htm><http://grzegorz_bartoszewski.users.sggw.pl/>**;**
2. Baxevanis AD, Ouellette BFF (red.) „Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek.” (2004) PWN;
3. Biotechnologia roślin 2009, wydanie nowe, pod red. S. Malepszego, Wydawnictwo Naukowe PWN
 |
| UWAGIDo wyliczenia oceny końcowej stosowana jest skala: 100-91% pkt - 5,0; 90-81% pkt - 4,5; 80-71% pkt - 4,0; 70-61% pkt - 3,5; 60-51% pkt - 3,0 |

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: | **30 h** |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | **0,7 ECTS** |

Tabela zgodności kierunkowych efektów uczenia 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 zasady korzystania z podstawowych baz danych sekwencji biologicznych i literatury naukowej | K\_W11 | 3 |
| Umiejętności – U\_01 | potrafi edytować i dokonać podstawowego opisu nowozsekwencjonowanej cząsteczki kw. nukleinowego, jak i sekwencji kw. nukleinowego i białka z bazy danych, oraz projektować startery do reakcji PCR | K\_U10; K\_U03 | 3; 3 |
| Kompetencje – K\_01 | jest gotów do wnioskowania o przypuszczalnej funkcji nieznanej sekwencji biologicznej na podstawie osobiście wykonanych porównań do innych sekwencji w bazach danych | K\_K01 | 1 |

\*)

3 – znaczący i szczegółowy,

2 – częściowy,

1 – podstawowy