

Nazwa zajęć:	Bioinformatyka	ECTS	2
Tłumaczenie nazwy na j. angielski:	Bioinformatics		
Zajęcia dla kierunku studiów:	Ogrodnictwo		

Język wykładowy:	polski	Poziom studiów:	I
Forma studiów:	<input checked="" type="checkbox"/> stacjonarne <input type="checkbox"/> niestacjonarne	Status zajęć:	<input type="checkbox"/> podstawowe <input type="checkbox"/> obowiązkowe <input checked="" type="checkbox"/> kierunkowe <input checked="" type="checkbox"/> do wyboru
		Numer semestru:	6 <input type="checkbox"/> semestr zimowy <input checked="" type="checkbox"/> semestr letni
Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik):	2021/2022	Numer katalogowy:	OGR-01-S-6L49.5

Koordinator 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 Ogrodniczy		
Założenia, cele i opis zajęć:	Celem nauczania przedmiotu „Bioinformatyka” jest przybliżenie 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 należyście zinterpretować otrzymane wyniki.		
Formy dydaktyczne, liczba godzin:	Ćwiczenia: liczba godzin 30		
Metody dydaktyczne:	Praktyczne wykonywanie zadań przy komputerze wzbogacone prezentacjami multimedialnymi, konsultacje. W przypadku zaistnienia konieczności przeprowadzenia zajęć z wykorzystaniem metod zdalnego nauczania, w ten sposób będą realizowane treści o charakterze audytoryjnym.		
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:	<p>Wiedza:</p> <p>W_01 – zna metodykę i terminologię dotyczącą sekwencjonowania genów i genomów</p> <p>W_02 – zna złożoność zapisu genetycznego podstawowych organizmów modelowych i rozumie znaczenie projektów genomowych we współczesnej nauce</p> <p>W_03 – zna podstawowe bazy danych sekwencji i struktur kwasów nukleinowych i białek oraz format zapisanej tam informacji</p> <p>W_04 – zna praktyczne korzyści wynikające z bioinformatyki we współczesnym rolnictwie</p>	<p>Umiejętności:</p> <p>U_01 – umie wyciągać i obrabiać informacje z podstawowych baz danych sekwencyjnych i literaturowych.</p> <p>U_02 – umie oceniać wagi danych bioinformatycznych i wyboru odpowiedniego narzędzia do ich obróbki.</p> <p>U_03 – umie edytować dane sekwencyjnych kw. nukleinowych, ich analizy kompozycyjnej, restrykcyjnej oraz projektowania starterów do podstawowych zastosowań.</p> <p>U_04 – umie odczytać zapis kodu genetycznego przy pomocy odpowiednich narzędzi i analizy sekwencji białkowej w zakresie kompozycji, właściwości fizykochemicznych i strukturalnych.</p>	<p>Kompetencje:</p> <p>K_01 – jest gotów do zastosowania narzędzi bioinformatycznych do zdobywania informacji potrzebnych w pracach dyplomowych.</p> <p>K_02 – jest gotów do projektowania prostych testów diagnostycznych opartych o PCR</p> <p>K_03 – jest gotów do właściwego użycia podstawowych zasobów wiedzy bioinformatycznej</p>
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:	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 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 modul/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,