

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Elementy języka R (Ćw. laboratoryjne), PG_00193529						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2027/2028		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie	Grupa zajęć			Grupa zajęć fakultatywnych		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	2	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	4	Liczba punktów ECTS			3.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Chemii -> Katedra Chemii i Radiochemii Środowiska -> Pracownia Chemoinformatyki Środowiska						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		mgr Klaudia Chmielewska				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	30.0	0.0	0.0	30
	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	30		0.0		45.0	75
Cel przedmiotu	<ol style="list-style-type: none"> 1. Przedstawienie studentom możliwości oraz korzyści płynących z stosowania pakietu R 2. Przekazanie niezbędnej wiedzy umożliwiającej obróbkę danych i prezentację wyników w pakiecie R 3. Podniesienie kompetencji studentów w zakresie pracy z danymi 						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu			Sposób weryfikacji i oceny efektu	
	[BIOINL3_W04] Ma zaawansowaną wiedzę w zakresie technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce		Po ukończeniu kursu każdy student: 1. zna ogólnie pojęte zastosowanie pakietu R oraz zasadę jego działania 2. potrafi wymienić podstawowe funkcje pakietu R, opisać ich działanie i zastosowanie			[SW2] prezentacja/projekt/referat/raport	
	[BIOINL3_U01] Potrafi programować, wykorzystując nowoczesne narzędzia programistyczne, w tym narzędzia dedykowane bioinformatyce		Po ukończeniu kursu każdy student: potrafi korzystać z większości przedstawionych na zajęciach funkcji pakietu R, swobodnie porusza się w oknie programu oraz potrafi samodzielnie napisać własną funkcję/pętlę, potrafi samodzielnie zaproponować rozwiązanie danego problemu przy użyciu odpowiednich funkcji/pakietów oraz zrealizować je, potrafi wykryć popełnione błędy i zaproponować ich rozwiązanie.			[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.