

ZASTOSOWANIE BIOINFORMATYKI W ROZWOJU NOWOCZESNEGO ROLNICTWA

Julia Grochowska

**Studenckie Koło Naukowe Zakładu Rolnictwa
Akademia Bialska im. Jana Pawła II w Białej Podlaskiej**

Opiekun naukowy: prof. dr hab. Marcin Weiner

Bioinformatyka - data science biologii

Bioinformatyka jest interdyscyplinarną dziedziną, która łączy elementy matematyki, informatyki, statystyki oraz nauk o życiu, odgrywając kluczową rolę w zarządzaniu, analizowaniu i interpretowaniu ogromnych ilości danych biologicznych.





Ludzki genom zawiera około 6 miliardów nukleotydów.

Heksaploidalny genom (sześć zestawów chromosomów w komórkach somatycznych) pszenicy zwyczajnej - **około 34 miliardów nukleotydów.**



Wpisanie 34 miliardów nukleotydów genomu pszenicy zwyczajnej do pliku Word czcionką o rozmiarze 10 i przy najwęższych możliwych marginesach zajęłoby **ponad 5,6 miliona stron.**

Taki dokument byłby nie tylko praktycznie niemożliwy do stworzenia i przechowywania, ale także całkowicie nieczytelny dla człowieka.

To pokazuje, dlaczego bioinformatyka i specjalistyczne formaty plików są niezbędne do zarządzania i analizowania danych genomowych.

Bazy danych biologicznych

NCBI Sequence Set Browser

Facet Panel

Available Facets

- Type
- Source database
- Targeted Locus Name
- DIV
- Status
- Organism
- Bioproject
- Biosample
- Strain
- Breed
- Cultivar
- Isolate
- Tissue Type
- Host
- Isolation Source

Organism: triticum

Cultivar

- aikang58
- alchemy
- arinalrfor
- attraktion
- brompton

https://www.ncbi.nlm.nih.gov

Description

This site is for browsing WGS (Whole Genome Shotgun) genomes, TSA (Transcriptome Shotgun Assemblies) and TLS (Targeted Locus Study) sequences. WGS sequences are incomplete genomes that have been sequenced by a whole genome shotgun strategy. TSA sequences are transcript sequences that have been computationally assembled from primary RNA sequence data. TLS sequences are large-scale marker gene sequencing studies. Please consult [WGS Submission](#) or [TSA Submission](#) pages for more details.

Project type:

Search – search in all fields. Use wildcard "*" to search in the middle of a field's text.

Term:

Found 64 projects

Page 1 2 (50)

#	Prefix	Type	DIV	Organism	Bioproject	Biosample	Keyword Combinations	Keywords	Intraspecific Name	Other Source	Total Length (Mbp)
1	AEOM01	WGS	PLN	Triticum aestivum	PRJNA61773	SAMN02981295	WGS	WGS	cultivar: Chinese Spring		
2	CACRSF01	WGS	PLN	Triticum aestivum	PRJEB34796	SAMEA6062055	WGS	WGS			15,6
3	CADDYM01	WGS	PLN	Triticum ..	PRJEB35709	SAMEA6374020	WGS	WGS			14,2

- Bazy danych sekwencji nukleotydów
- Bazy danych sekwencji białek
- Bazy danych struktur makromolekularnych
- Bazy danych genomów
- Bazy danych ekspresji genów
- Bazy danych szlaków metabolicznych i interakcji
- Bazy danych fenotypów i chorób genetycznych
- Bazy danych taksonomiczne
- Bazy danych literatury biologicznej

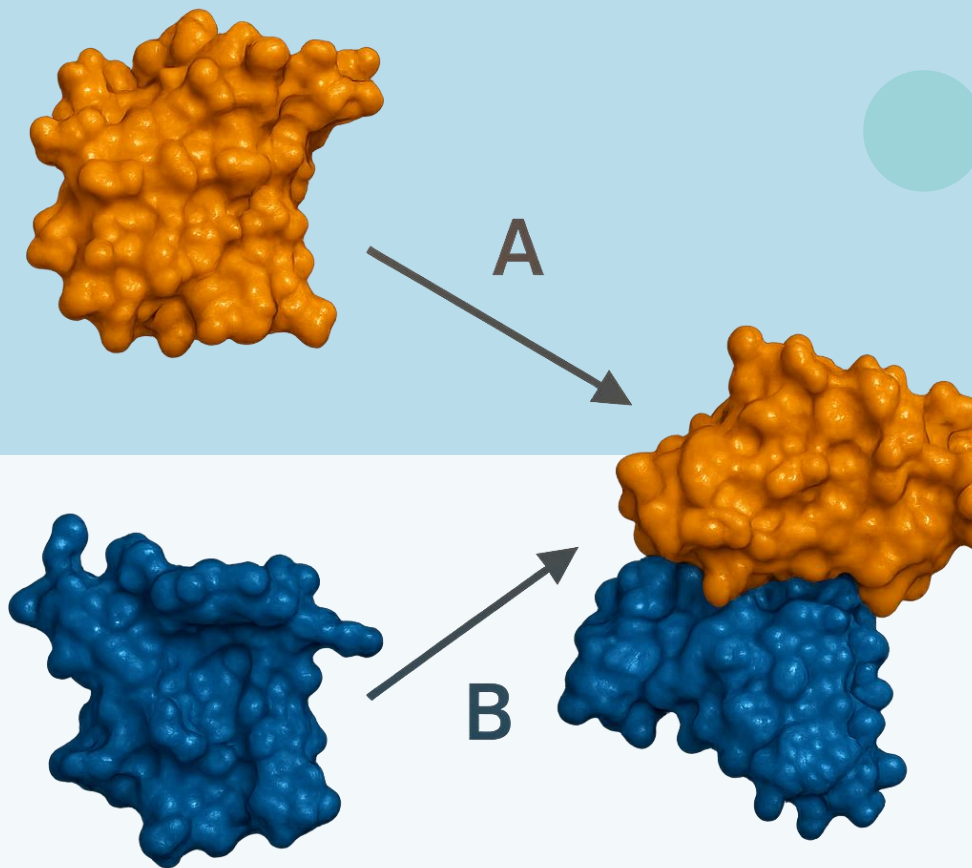
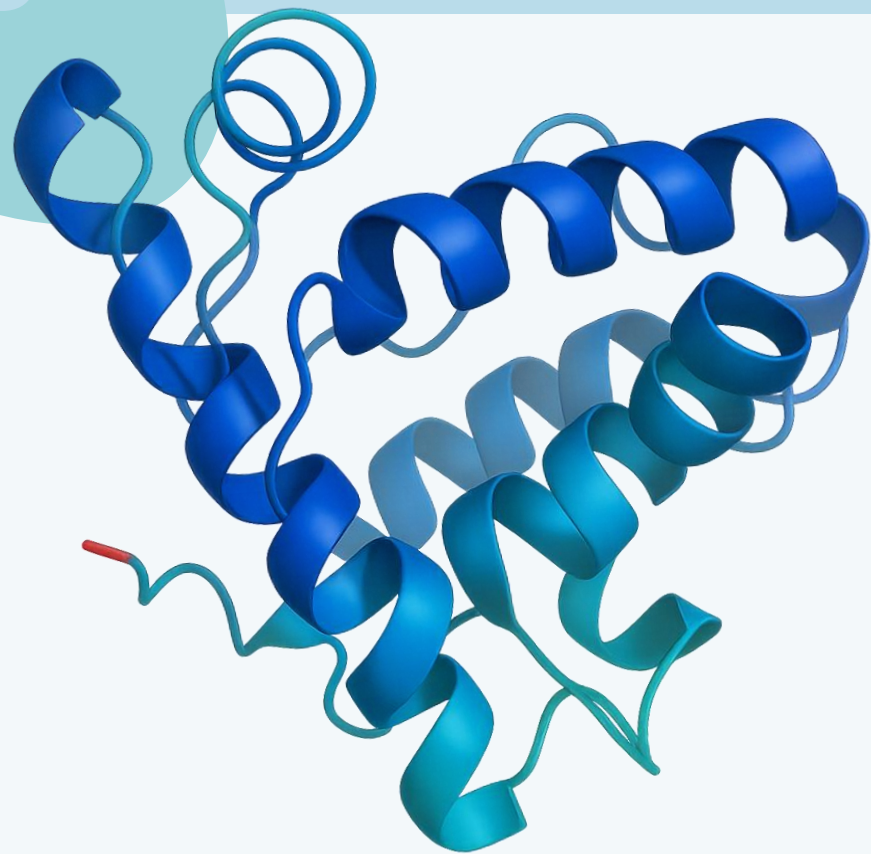


input type = **organism** , input word = **Solidago canadensis**

Number of matched data :24

C_ID	CAS ID	Metabolite
C00000354	928-95-0	(E)-2-Hexenol
C00000805	80-56-8	alpha-Pinene
C00000816	127-91-3	beta-Pinene
C00000823	138-86-3	Limonene
C00002724	327-97-9	3-O-Caffeoylquinic acid
C00003029	79-92-5	Camphene
C00003110	87-44-5	beta-Caryophyllene
C00003118	3856-25-5	alpha-Copaene
C00003147	6753-98-6	alpha-Caryophyllene (obsol.)
C00003186	17066-67-0	beta-Eudesmene
C00004631	117-39-5	Quercetin
C00007453	33880-83-0	beta-Elemene
C00007636	483-76-1	delta-Cadinene
C00011720	23986-74-5	(-)-Germacrene D
C00012425	24703-35-3	(+)-Bicyclogermacrene
C00022275	23534-56-7	Solidagenone
C00022466	77355-66-9	7,13E-Labdadien-6beta,15-dic
C00022467	77355-67-0	15-Hydroxy-7,13E-labdadien-6
C00029480	89886-31-7	3,4-di-O-caffeoylquinic acid
C00029520	89886-30-6	4,5-Di-O-caffeoylquinic acid
C00029844	76-49-3	Borneol acetate

Struktura białka to klucz do zrozumienia jego funkcji w żywym organizmie.



Dzięki komputerom i sztucznej inteligencji możemy z niespotykaną dotąd precyzją zagłębiać się w trójwymiarowy świat białek, przewidywać ich konformacje oraz interakcje jakie między nimi zachodzą.

Cel i metodyka pracy

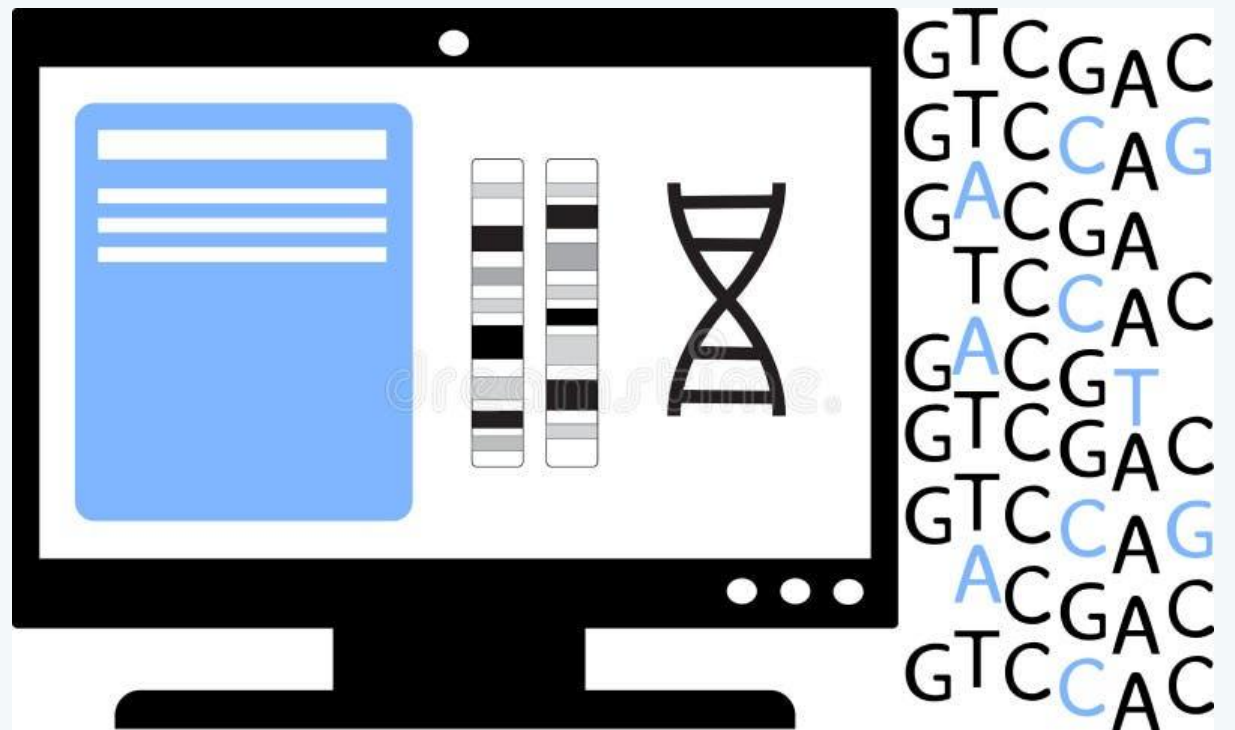
Obszarem mojego zainteresowania było dokonanie przeglądu literatury naukowej, mającego na celu zbadanie aktualnych zastosowań bioinformatyki w rozwoju nowoczesnego rolnictwa.

Materiał źródłowy zgromadzono za pomocą wyszukiwarki Google Scholar. Analizowana literatura obejmowała publikacje opublikowane od 2024 roku do końca pierwszego kwartału 2025 r.

Wyszukiwanie oparto na kombinacji następujących słów kluczowych:

- bioinformatics AND agriculture
- bioinformatics AND animal breeding
- metagenomics AND agriculture development
- machine learning AND agriculture development

Wyniki analiz



1. Selekcja i hodowla roślin

Dzięki analizom bioinformatycznym hodowcy mogą podejmować trafniejsze decyzje, skracając czas potrzebny na uzyskanie nowych, lepszych odmian.



Markery genetyczne umożliwiają identyfikację roślin posiadających pożądane cechy. Selekcja taka może być przeprowadzana już na wczesnym etapie rozwoju rośliny – nawet u siewek lub młodych sadzonek – bez konieczności czekania na ich pełny rozwój czy dojrzałość.

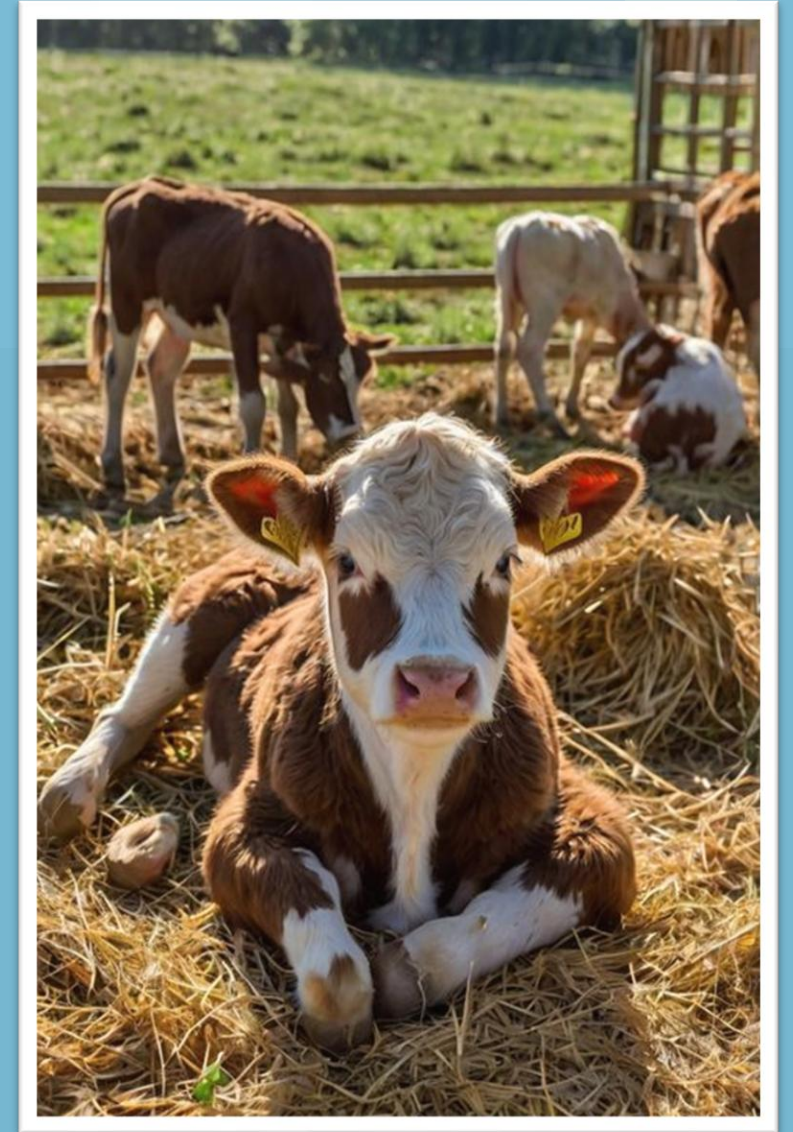
Symulacje krzyżowań to technika bioinformatyczna wykorzystywana w planowaniu hodowli. Polega na komputerowym modelowaniu różnych strategii krzyżowania osobników na podstawie danych genetycznych, aby przewidzieć efekty hodowlane przed rzeczywistym wdrożeniem programu.

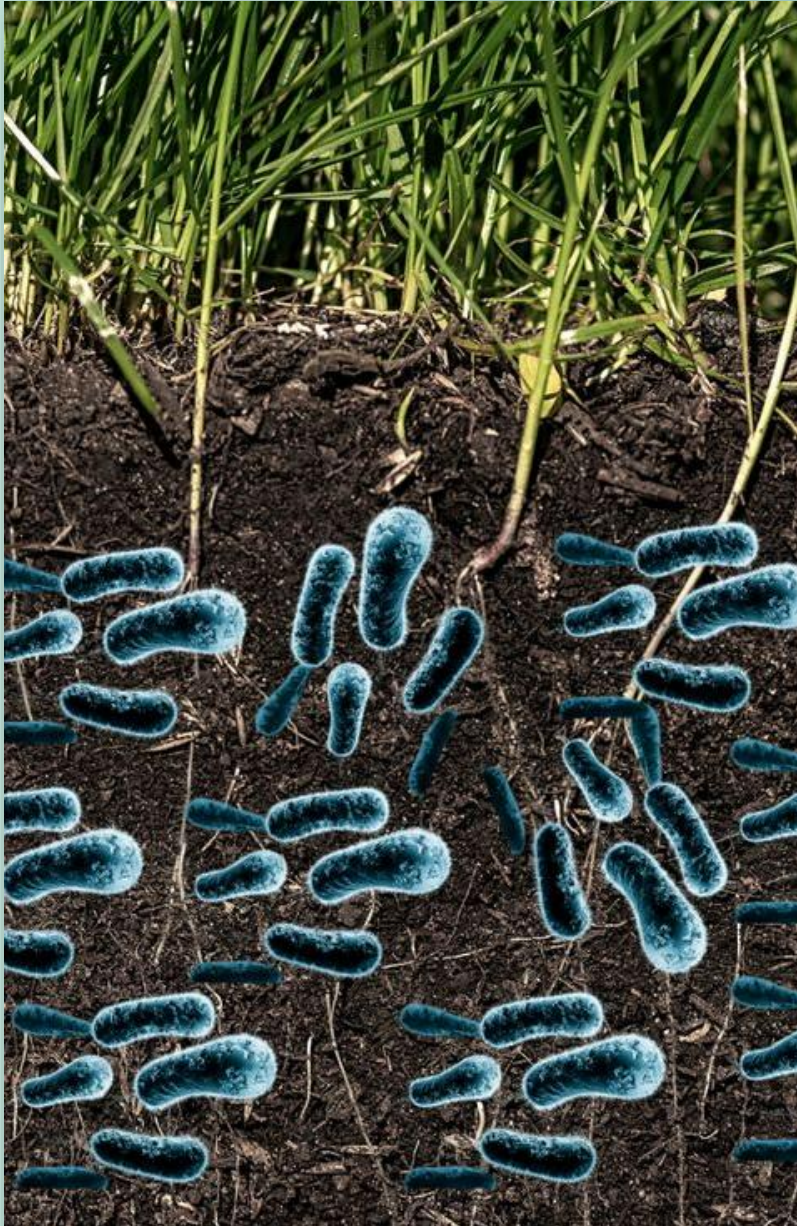
2. Hodowla zwierząt i medycyna weterynaryjna

W hodowli zwierząt bioinformatyka pozwala na wnikliwe analizowanie genomów i transkryptomów osobników, co umożliwia identyfikowanie genów determinujących cechy użytkowe, takie jak tempo wzrostu, wydajność mleczna, odporność na choroby czy jakość mięsa.

Bioinformatyka odgrywa **coraz większą rolę w rozwoju medycyny weterynaryjnej.**

Umożliwia szybką i dokładną identyfikację patogenów, czyli sprawniejszą diagnostykę, modelowanie struktur białek i przewidywanie interakcji z potencjalnymi lekami przyspiesza proces projektowania nowych terapii i zmniejsza koszty badań laboratoryjnych.





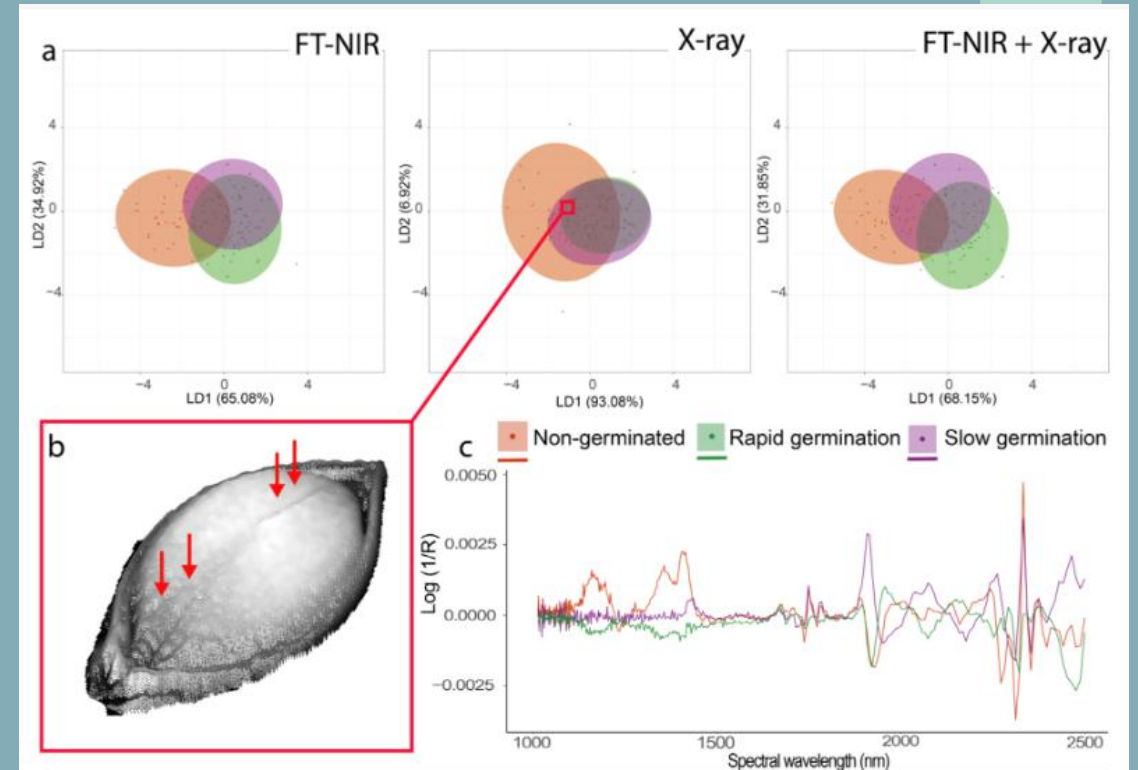
3. Badanie interakcji środowiskowych w agrocenozach

Mikroorganizmy glebowe odgrywają **kluczową rolę w utrzymaniu zdrowia i żyzności gleby**. Tworzą one złożone społeczności, których funkcjonowanie wciąż jest przez nas słabo poznane.

Odkrywanie mikrobiologicznego świata gleby wkracza w nową erę dzięki **przełomowym technikom metagenomicznym**, stanowiącym unikalną drogę do badania mikroorganizmów, których złożoność i specyficzne wymagania środowiskowe uniemożliwiają hodowlę w warunkach laboratoryjnych.

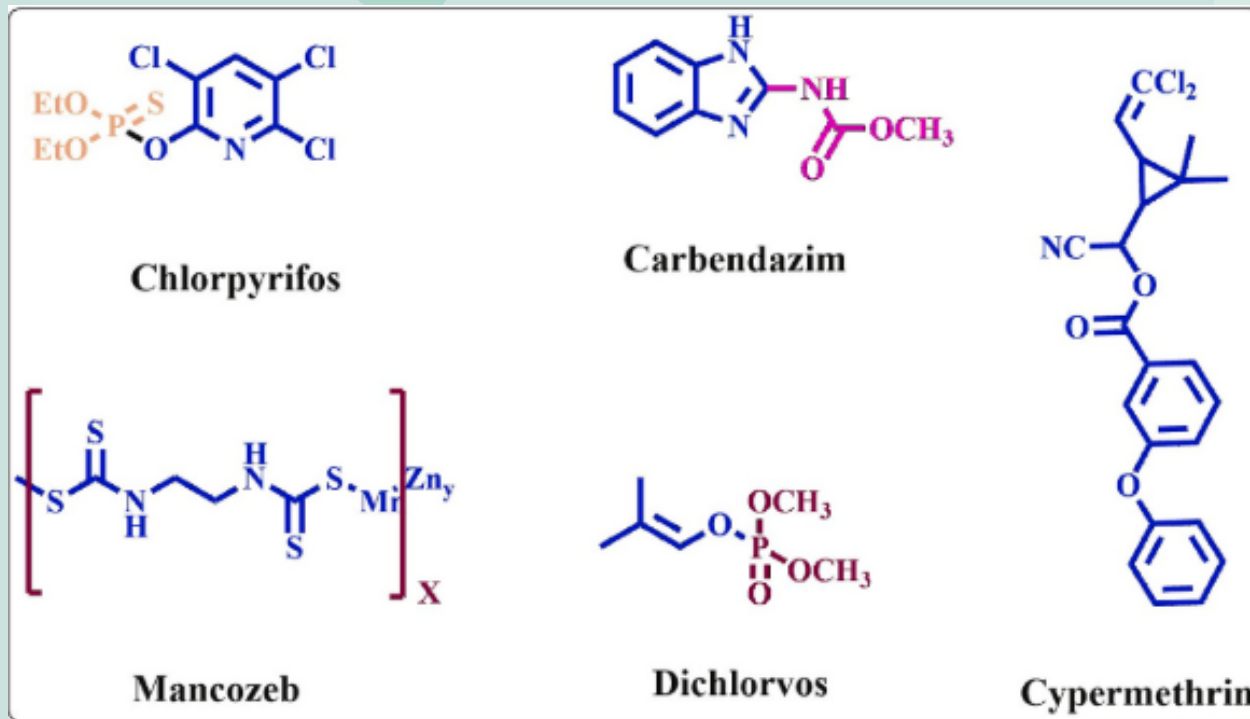
4. Nieniszcząca ocena nasion

- Tradycyjne metody oceny często wymagają przecięcia nasion, zmielenia ich, poddania testom kiełkowania, które uniemożliwiają dalsze wykorzystanie badanych jednostek.
- **Nieniszcząca ocena nasion** to zestaw nowoczesnych metod i technik, które pozwalają na **określenie różnych cech i właściwości nasion bez ich fizycznego uszkodzenia lub niszczenia**.
- Hodowcy mogą:
 - szybko ocenić tysiące nasion pod kątem pożądanych cech,
 - zidentyfikować cechy trudne do oceny wizualnej,
 - w przypadku rzadkich lub unikalnych linii hodowlanych zachować cenny materiał genetyczny.



Bioinformatyka jest niezbędna w analizie i interpretacji danych generowanych przez te technologie.

5. Badanie szkodliwości pestycydów



Pestycydy, choć stanowią istotne narzędzie w rolnictwie, chroniąc plony przed szkodnikami i chorobami, niosą ze sobą potencjalne zagrożenia dla człowieka i środowiska.

Uczenie maszynowe pomaga przewidywać, w jaki sposób pestycydy mogą być szkodliwe dla ludzi. Dzięki analizie różnych danych, takich jak skład chemiczny i budowa cząsteczek, można znaleźć wzorce i zależności między pestycydami a ich toksycznością.

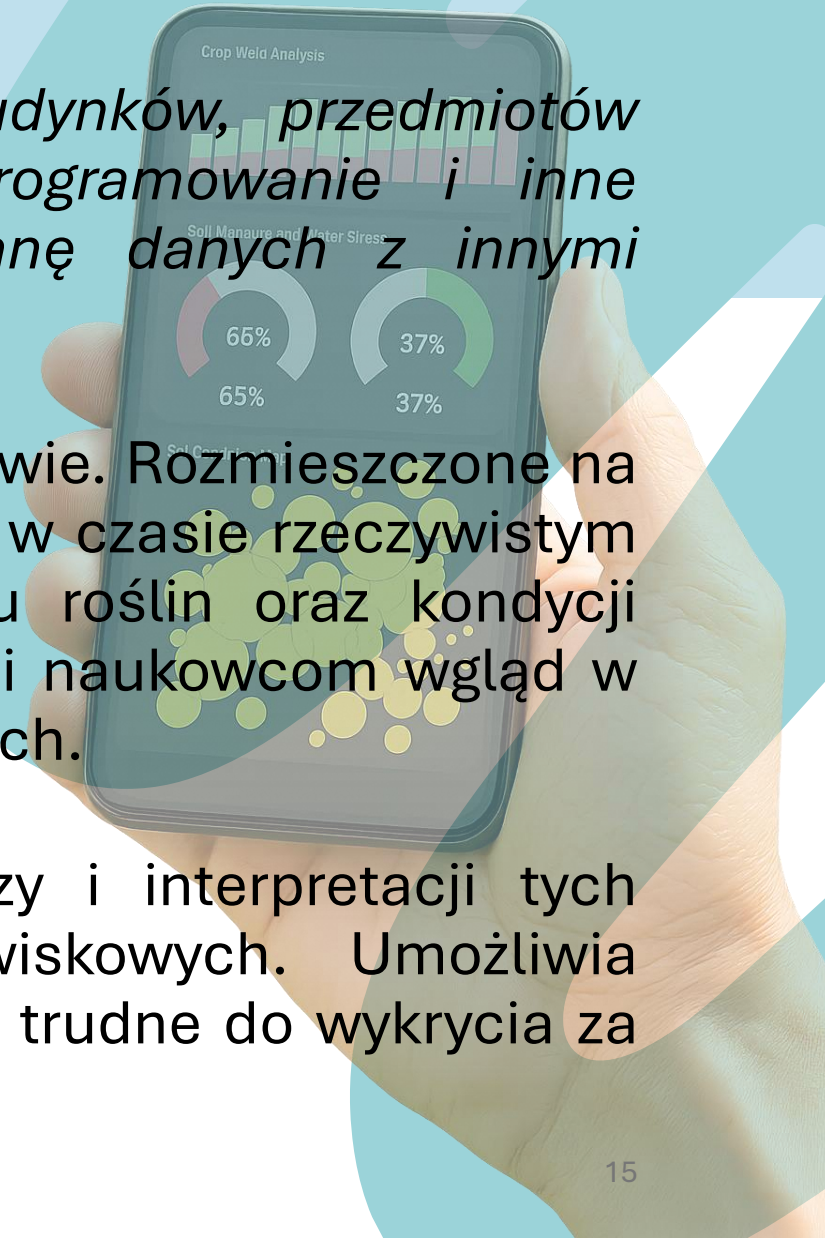
Algorytmy mogą porównać nowy pestycyd do znanych substancji i na tej podstawie oszacować, czy może być niebezpieczny dla zdrowia. Podobne metody stosuje się również do oceny wpływu pestycydów na środowisko np. sprawdzając, czy dana substancja może zanieczyszczać wodę, glebę lub zagrażać owadom zapylającym.

6. Internet Rzeczy (IoT)

To sieć fizycznych obiektów (urządzeń, pojazdów, budynków, przedmiotów codziennego użytku) wyposażonych w czujniki, oprogramowanie i inne technologie, które umożliwiają im zbieranie i wymianę danych z innymi urządzeniami i systemami za pośrednictwem Internetu.

IoT rewolucjonizuje sposób gromadzenia danych w rolnictwie. Rozmieszczone na polach, w szklarniach i przy zwierzętach czujniki zbierają w czasie rzeczywistym informacje dotyczące warunków środowiskowych stanu roślin oraz kondycji zwierząt. Ta ciągła akwizycja danych zapewnia rolnikom i naukowcom wgląd w dynamiczne procesy zachodzące w ekosystemach rolniczych.

Bioinformatyka stanowi kluczowe narzędzie do analizy i interpretacji tych ogromnych zbiorów danych biologicznych i środowiskowych. Umożliwia identyfikację wzorców, korelacji i zależności, które byłyby trudne do wykrycia za pomocą tradycyjnych metod statystycznych.



Wnioski

Bioinformatyka stanowi istotne narzędzie w rozwoju rolnictwa, wspierając postęp w wielu jego dziedzinach.

Dzięki analizie danych biologicznych, umożliwia optymalizację procesów hodowlanych, monitorowanie zdrowia roślin i zwierząt oraz poprawę efektywności wykorzystania zasobów.

Przyczynia się do podniesienia wydajności rolnictwa, jednocześnie otwierając nowe możliwości w zarządzaniu ekosystemami rolniczymi.