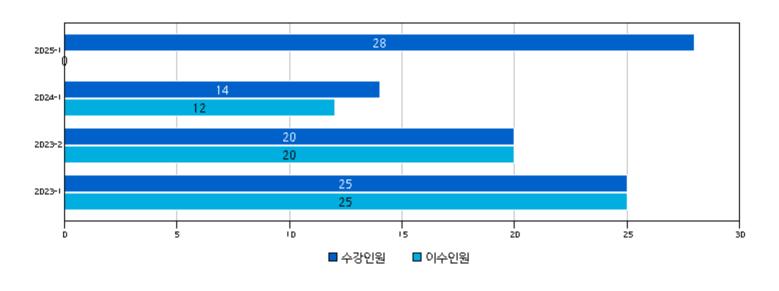
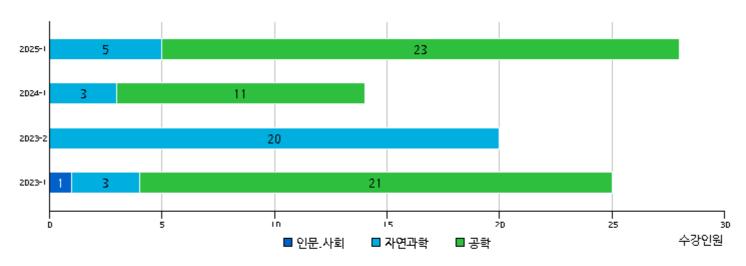
1. 교과목 수강인원



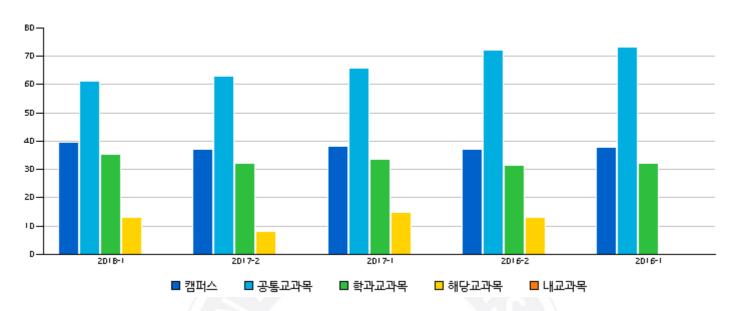




수업년도	수업학기	계열구분	수강인원	이수인원
2023	1	인문.사회	1	1
2023	1	자연과학	3	3
2023	1	공학	21	21
2023	2	자연과학	20	20
2024	1	자연과학	3	3
2024	1	공학	11	9
2025	1	자연과학	5	0
2025	1	공학	23	0

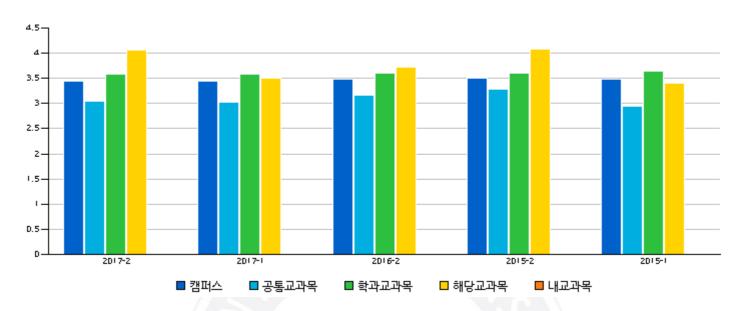


2. 평균 수강인원



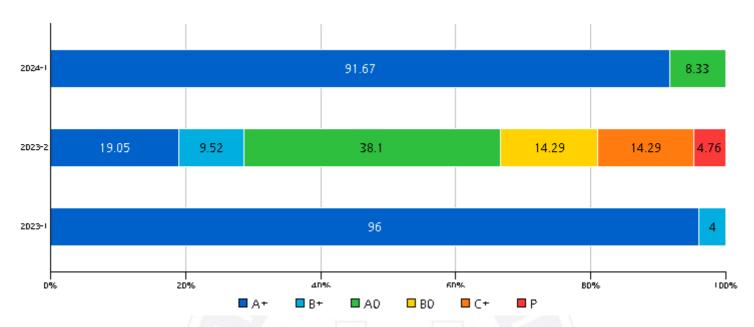
 수업년도	수업학기	캠퍼스	공통교과목	학과교과목	해당교과목	내교과목
2018	1	39.54	61.09	35.36	13	
2017	2	37.26	63.09	32.32	8	
2017	1	38.26	65.82	33.5	15	
2016	2	37.24	72.07	31.53	13	
2016	1	37.88	73.25	32.17		

3. 성적부여현황(평점)



수업년도	수업학기	캠퍼스	공통교과목	학과교과목	해당교과목	내교과목
2017	2	3.44	3.05	3.59	4.06	
2017	1	3.44	3.02	3.58	3.5	
2016	2	3.49	3.16	3.61	3.73	
2015	2	3.51	3.28	3.6	4.09	
2015	1	3.49	2.94	3.64	3.4	

4. 성적부여현황(등급)



수업년도	수업학기	등급	인원	비율
2023	1	Α+	24	96
2023	1	B+	1	4
2023	2	A+	4	19.05
2023	2	A0	8	38.1
2023	2	B+	2	9.52
2023	2	В0	3	14.29
2023	2	C+	3	14.29
2023	2	Р	1	4.76
2024	1	Α+	11	91.67
2024	1	A0	1	8.33

5. 강의평가점수



 수업년도	수업학기	캠퍼스	공통교과목	학과교과목	해당교과목	내교과목
2024	1	91.5	93.79	91.1	93	
2023	2	91.8	93.15	91.56	96	
2023	1	91.47	93.45	91.13	95	
2022	2	90.98	92.48	90.7	92	
2022	1	90.98	92.29	90.75	99	

6. 강의평가 문항별 현황

		н оли						점수병	별 인원	년분포	:
번호	평가문항	본인평 균 (가중 치적용)	소속 ^호 (·	학과,다 차 +초과,	학평균 이 ,-:미달		매우 그렇 치않 다	그렇 치않 다	보통 이다	그렇 다	매우 그렇 다
		5점	학	과	대	학	· 1점	2점	3점	4점	5점
	교강사:	미만	차이	평균	차이	평균	12	42	28	42	2.5

No data have been found.

7. 개설학과 현황

 학과	2025/2	2025/1	2024/1	2023/2	2023/1
생명과학과	1강좌(2학점)	0강좌(0학점)	0강좌(0학점)	1강좌(2학점)	0강좌(0학점)
생명공학과	0강좌(0학점)	1강좌(3학점)	1강좌(3학점)	0강좌(0학점)	1강좌(3학점)

8. 강좌유형별 현황

강좌유형	2023/1	2023/2	2024/1	2025/1	2025/2
 일반	1강좌(25)	1강좌(21)	1강좌(14)	1강좌(28)	0강좌(0)

9. 교과목개요

교육과정	관장학과	국문개요	영문개요	수업목표
	서울 자연과학 대학 생명과학 과	GenBank의 염기서열 데이터베이스, 구조 데이터베이스, GCC 염기서열 분석 데이터베이스, 생명과학 데이터베이스 등으로부터 염기서열 정렬과 데이터베이스 탐색, 계통분류학적 분석, 염기서열로부터 예측할 수 있는 정보의 습득과 이용 방법에 대해 실습을 통해 탐구한다. 아울러, 단백질 서열로부터 예측할 수 있는 정보, 사람과 생쥐의 생리 지도 데이터베이스, 게놈 정보학, 염기 서열 등록 방법 등에 대하여 이론적 바탕위에 실습을 통해 실무에 응용할 수 있는 능력을 배양한다. 한편, NCBI 데이터베이스를 모델로데이터베이스의 구축에 대한 이론과 실제에 대하여 학생 스스로 심도 있게 조사하고 분석 할수 있는 능력을 갖추도록 유도한다.	Bioinformatics use information technology to organize, visualize, interpret and distribute biological informations to answer complex biological questions. In this class we study, along with laboratory work, the nucleotide sequence alignment, database search. systematic analyses of the species diversity, and aquire the information predicted from the nucleotide sequences and the way to use it, by means of Genbank nucleotide databases, structural databases, CGG nucleotide analysis database, and various databases related to the life science. Furthermore, informations predicted from amino acid sequences in protein, physiological map databases of human and mouse, genomic	

교육과정	관장학과	국문개요	영문개요	수업목표
			informatics, and the way to register the nucletide are also practised through laboratory work on the basis of theoretical considerations, to get the ability to perform in the real application. On the other hand, using NCBI database as a model, the students are encouraged to get the ability to investigate and analyze, by the	
학부 2024 - 2027 교육과 정	서울 공과대학 생명공학과	GenBank의 염기서열 데이터베이스, 구조 데이터베이스, GCC 염기서열 분석 데이터베이스, 생명과학 데이터베이스 등으로부터 염기서열 정렬과 데이터베이스 탐색, 계통분류학적 분석, 염기서열로부터 예측할 수 있는 정보의 습득과 이용 방법에 대해 실습을 통해 탐구한다. 아울러, 단백질 서열로부터 예측할 수 있는 정보, 사람과 생쥐의 생리 지도 데이터베이스, 게놈 정보학,염기 서열 등록 방법 등에 대하여 이론적 바탕위에 실습을 통해 실무에 응용할 수 있는 능력을 배양한다. 한편, NCBI 데이터베이스를 모델로데이터베이스의 구축에 대한 이론과 실제에 대하여 학생 스스로 심도 있게 조사하고 분석 할수 있는 능력을 갖추도록 유도한다.	Bioinformatics use information technology to organize, visualize, interpret and distribute biological informations to answer complex biological questions. In this class we study, along with laboratory work, the nucleotide sequence alignment, database search. systematic analyses of the species diversity, and aquire the information predicted from the nucleotide sequences and the way to use it, by means of Genbank nucleotide databases, structural databases, CGG nucleotide analysis database, and various databases related to the life science. Furthermore, informations predicted from amino acid sequences in protein, physiological map databases of human and mouse, genomic informatics, and the way to register the nucletide are also practised through laboratory work on the basis of theoretical considerations, to get the ability to perform in the real application. On the other hand, using NCBI database as a model, the students are encouraged to get the ability to investigate and analyze, by thems	
	서울 자연과학 대학 생명과학 과	GenBank의 염기서열 데이터베이스, 구조 데이터베이스, GCC 염기서열 분석 데이터베이스, 생명과학 데이터베이스 등으로부터 염기서열 정렬과 데이터베이스 탐색, 계통분류학적 분석, 염기서열로부터 예측할 수 있는 정보의 습득과 이용 방법에 대해 실습을 통해 탐구한다. 아울러, 단백질 서열로부터 예측할 수 있는 정보, 사람과 생쥐의 생리 지도 데이터베이스, 게놈 정보학, 염기 서열 등록 방법 등에 대하여 이론적 바탕위에 실습을 통해 실무에 응용할 수 있는 능력을 배양한다. 한편, NCBI 데이터베이스를 모델로데이터베이스의 구축에 대한 이론과 실제에 대하여 학생 스스로 심도 있게 조사하고 분석 할수 있는 능력을 갖추도록 유도한다.	Bioinformatics use information technology to organize, visualize, interpret and distribute biological informations to answer complex biological questions. In this class we study, along with laboratory work, the nucleotide sequence alignment, database search. systematic analyses of the species diversity, and aquire the information predicted from the nucleotide sequences and the way to use it, by means of Genbank nucleotide databases, structural databases, CGG nucleotide analysis database, and various databases related to the life science. Furthermore, informations predicted from amino acid sequences in protein, physiological map databases of human and mouse, genomic informatics, and the way to register the nucletide are also practised through laboratory work on the basis of theoretical	

교육과정	관장학과	국문개요	영문개요	수업목표
			considerations, to get the ability to perform in the real application. On the other hand, using NCBI database as a model, the students are encouraged to get the ability to investigate and analyze, by the	
학부 2020 - 023 교육과 정	서울 공과대학 생명공학과	GenBank의 염기서열 데이터베이스, 구조 데이터베이스, GCC 염기서열 분석 데이터베이스, 생명과학 데이터베이스 등으로부터 염기서열 정렬과 데이터베이스 탐색, 계통분류학적 분석, 염기서열로부터 예측할 수 있는 정보의 습득과 이용 방법에 대해 실습을 통해 탐구한다. 아울러, 단백질 서열로부터 예측할 수 있는 정보, 사람과 생쥐의 생리 지도 데이터베이스, 게놈 정보학, 염기 서열 등록 방법 등에 대하여 이론적 바탕위에 실습을 통해 실무에 응용할 수 있는 능력을 배양한다. 한편, NCBI 데이터베이스를 모델로데이터베이스의 구축에 대한 이론과 실제에 대하여 학생 스스로 심도 있게 조사하고 분석 할수 있는 능력을 갖추도록 유도한다.	Bioinformatics use information technology to organize, visualize, interpret and distribute biological informations to answer complex biological questions. In this class we study, along with laboratory work, the nucleotide sequence alignment, database search. systematic analyses of the species diversity, and aquire the information predicted from the nucleotide sequences and the way to use it, by means of Genbank nucleotide databases, structural databases, CGG nucleotide analysis database, and various databases related to the life science. Furthermore, informations predicted from amino acid sequences in protein, physiological map databases of human and mouse, genomic informatics, and the way to register the nucletide are also practised through laboratory work on the basis of theoretical considerations, to get the ability to perform in the real application. On the other hand, using NCBI database as a model, the students are encouraged to get the ability to investigate and analyze, by thems	
	서울 자연과학 대학 생명과학 과	GenBank의 염기서열 데이터베이스, 구조 데이터베이스, GCC 염기서열 분석 데이터베이스, 생명과학 데이터베이스 등으로부터 염기서열 정렬과 데이터베이스 탐색, 계통분류학적 분석, 염기서열로부터 예측할 수 있는 정보의 습득과 이용 방법에 대해 실습을 통해 탐구한다. 아울러, 단백질 서열로부터 예측할 수 있는 정보, 사람과 생쥐의 생리 지도 데이터베이스, 게놈 정보학, 염기 서열 등록 방법 등에 대하여 이론적 바탕위에 실습을 통해 실무에 응용할 수 있는 능력을 배양한다. 한편, NCBI 데이터베이스를 모델로데이터베이스의 구축에 대한 이론과 실제에 대하여 학생 스스로 심도 있게 조사하고 분석 할수 있는 능력을 갖추도록 유도한다.	Bioinformatics use information technology to organize, visualize, interpret and distribute biological informations to answer complex biological questions. In this class we study, along with laboratory work, the nucleotide sequence alignment, database search. systematic analyses of the species diversity, and aquire the information predicted from the nucleotide sequences and the way to use it, by means of Genbank nucleotide databases, structural databases, CGG nucleotide analysis database, and various databases related to the life science. Furthermore, informations predicted from amino acid sequences in protein, physiological map databases of human and mouse, genomic informatics, and the way to register the nucletide are also practised through laboratory work on the basis of theoretical considerations, to get the ability to perform in the real application. On the other hand, using NCBI database as a	

교육과정	관장학과	국문개요	영문개요	수업목표
			model, the students are encouraged to get the ability to investigate and analyze, by the	
학부 2016 - 2019 교육과 정	서울 공과대학 생명공학과	GenBank의 염기서열 데이터베이스, 구조 데이터베이스, GCC 염기서열 분석 데이터베이스, 생명과학 데이터베이스 등으로부터 염기서열 정렬과 데이터베이스 탐색, 계통분류학적 분석, 염기서열로부터 예측할 수 있는 정보의 습득과 이용 방법에 대해 실습을 통해 탐구한다. 아울러, 단백질 서열로부터 예측할 수 있는 정보, 사람과 생쥐의 생리 지도 데이터베이스, 게놈 정보학, 염기 서열 등록 방법 등에 대하여 이론적 바탕위에 실습을 통해 실무에 응용할 수 있는 능력을 배양한다. 한편, NCBI 데이터베이스를 모델로데이터베이스의 구축에 대한 이론과 실제에 대하여 학생 스스로 심도 있게 조사하고 분석 할수 있는 능력을 갖추도록 유도한다.	Bioinformatics use information technology to organize, visualize, interpret and distribute biological informations to answer complex biological questions. In this class we study, along with laboratory work, the nucleotide sequence alignment, database search. systematic analyses of the species diversity, and aquire the information predicted from the nucleotide sequences and the way to use it, by means of Genbank nucleotide databases, structural databases, CGG nucleotide analysis database, and various databases related to the life science. Furthermore, informations predicted from amino acid sequences in protein, physiological map databases of human and mouse, genomic informatics, and the way to register the nucletide are also practised through laboratory work on the basis of theoretical considerations, to get the ability to perform in the real application. On the other hand, using NCBI database as a model, the students are encouraged to get the ability to investigate and analyze, by thems	
학부 2013 - 2015 교육과 정	서울 공과대학 화공생명공학 부 생명공학전 공	단백질 서열로부터 예측할 수 있는 정보, 사람과	Bioinformatics use information technology to organize, visualize, interpret and distribute biological informations to answer complex biological questions. In this class we study, along with laboratory work, the nucleotide sequence alignment, database search. systematic analyses of the species diversity, and aquire the information predicted from the nucleotide sequences and the way to use it, by means of Genbank nucleotide databases, structural databases, CGG nucleotide analysis database, and various databases related to the life science. Furthermore, informations predicted from amino acid sequences in protein, physiological map databases of human and mouse, genomic informatics, and the way to register the nucletide are also practised through laboratory work on the basis of theoretical considerations, to get the ability to perform in the real application. On the other hand, using NCBI database as a model, the students are encouraged to get the ability to investigate and analyze, by thems	

교육과정	관장학과	국문개요	영문개요	수업목표
	서울 자연과학 대학 생명과학 과	GenBank의 염기서열 데이터베이스, 구조 데이터베이스, GCC 염기서열 분석 데이터베이스, 생명과학 데이터베이스 등으로부터 염기서열 정렬과 데이터베이스 탐색, 계통분류학적 분석, 염기서열로부터 예측할 수 있는 정보의 습득과 이용 방법에 대해 실습을 통해 탐구한다. 아울러, 단백질 서열로부터 예측할 수 있는 정보, 사람과생쥐의 생리 지도 데이터베이스, 게놈 정보학,염기 서열 등록 방법 등에 대하여 이론적 바탕위에 실습을 통해 실무에 응용할 수 있는 능력을 배양한다. 한편, NCBI 데이터베이스를 모델로데이터베이스의 구축에 대한 이론과 실제에 대하여 학생 스스로 심도 있게 조사하고 분석 할수 있는 능력을 갖추도록 유도한다.	Bioinformatics use information technology to organize, visualize, interpret and distribute biological informations to answer complex biological questions. In this class we study, along with laboratory work, the nucleotide sequence alignment, database search. systematic analyses of the species diversity, and aquire the information predicted from the nucleotide sequences and the way to use it, by means of Genbank nucleotide databases, structural databases, CGG nucleotide analysis database, and various databases related to the life science. Furthermore, informations predicted from amino acid sequences in protein, physiological map databases of human and mouse, genomic informatics, and the way to register the nucletide are also practised through laboratory work on the basis of theoretical considerations, to get the ability to perform in the real application. On the other hand, using NCBI database as a model, the students are encouraged to get the ability to investigate and analyze, by the	
학부 2013 - 2015 교육과 정	서울 공과대학 생명공학과	GenBank의 염기서열 데이터베이스, 구조 데이터베이스, GCC 염기서열 분석 데이터베이스, 생명과학 데이터베이스 등으로부터 염기서열 정렬과 데이터베이스 탐색, 계통분류학적 분석, 염기서열로부터 예측할 수 있는 정보의 습득과 이용 방법에 대해 실습을 통해 탐구한다. 아울러, 단백질 서열로부터 예측할 수 있는 정보, 사람과 생쥐의 생리 지도 데이터베이스, 게놈 정보학, 염기 서열 등록 방법 등에 대하여 이론적 바탕위에 실습을 통해 실무에 응용할 수 있는 능력을 배양한다. 한편, NCBI 데이터베이스를 모델로데이터베이스의 구축에 대한 이론과 실제에 대하여 학생 스스로 심도 있게 조사하고 분석 할수 있는 능력을 갖추도록 유도한다.	Bioinformatics use information technology to organize, visualize, interpret and distribute biological informations to answer complex biological questions. In this class we study, along with laboratory work, the nucleotide sequence alignment, database search. systematic analyses of the species diversity, and aquire the information predicted from the nucleotide sequences and the way to use it, by means of Genbank nucleotide databases, structural databases, CGG nucleotide analysis database, and various databases related to the life science. Furthermore, informations predicted from amino acid sequences in protein, physiological map databases of human and mouse, genomic informatics, and the way to register the nucletide are also practised through laboratory work on the basis of theoretical considerations, to get the ability to perform in the real application. On the other hand, using NCBI database as a model, the students are encouraged to get the ability to investigate and analyze, by thems	
	서울 공과대학 화공생명공학 부 생명		Recent advances in fields such as bioinformatics, proteomics, genomics, and pharmacogenomics increased demand for	GenBank의 염기서 열 데이터베이스, 구 조 데이터베이스,

교육과정	관장학과	국문개요	영문개요	수업목표
	공학전공		people with combined experience in biology and computer science. This course introduces basic concepts, methodologies, and tools in bioinformatics.	

10. CQI 등록내역	
	No data have been found.
// >	

