



Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Elements of Bioinformatics, PG_00055358						
Kierunek studiów	Informatyka (studia w jęz. angielskim)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2022 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2023/2024		
Poziom kształcenia	II stopnia		Grupa zajęć		Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	2		Język wykładowy		angielski		
Semestr studiów	3		Liczba punktów ECTS		2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Wydział Elektroniki, Telekomunikacji i Informatyki -> Katedra Algorytmów i Modelowania Systemów						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr inż. Piotr Mironowicz				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		mgr inż. Krzysztof Pastuszek dr inż. Piotr Mironowicz				
Formy zajęć i metody nauczania	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	0.0	15.0	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	5.0	15.0	50		
Cel przedmiotu	Bioinformatyka jest młodą dyscypliną informatyki, której celem jest wspomaganie badań biologicznych metodami komputerowymi. Spektrum metod w niej stosowanych jest szerokie: przetwarzanie tekstów, algorytmy optymalizacji dyskretnej, analiza statystyczna, sztuczna inteligencja, elementy geometrii obliczeniowej itd.. Przedmiot poświęcony jest prezentacji wybranych problemów obliczeniowych związanych z analizą informacji uzyskiwanych z danych biologicznych, przede wszystkim sekwencyjnych (DNA, białka).						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[K7_W05] zna i rozumie w pogłębionym stopniu metody wspomaganie procesów i funkcji, specyficzne dla kierunku studiów	Student omawia znaczenie biologiczne sekwencji DNA, RNA i białkowych. Student modeluje ewolucje sekwencji jako łańcuch Markowa. Student omawia i wykorzystuje algorytmy składania dwóch i wielu sekwencji, przeprowadza analizy filogenetyczne, wyszukuje geny w DNA.	[SW3] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym [SW1] Ocena wiedzy faktograficznej
	[K7_W02] zna i rozumie w pogłębionym stopniu wybrane prawa i zjawiska fizyczne oraz metody i teorie wyjaśniające złożone zależności między nimi, stanowiące zaawansowaną wiedzę ogólną z dziedziny nauk technicznych, związaną z kierunkiem studiów	Student poznał procesy fizyczne oraz modele zjawisk wyższego poziomu, takie jak modele mutacji DNA lub powstawania cech gatunkowych.	[SW1] Ocena wiedzy faktograficznej
	[K7_U02] potrafi wykonywać zadania związane z kierunkiem studiów oraz formułować i rozwiązywać problemy z wykorzystaniem nowej wiedzy z fizyki i innych dziedzin nauki	Student rozumie kontekst fizyczny oraz biochemiczny analizowanych przez niego problemów bioinformatycznych.	[SU2] Ocena umiejętności analizy informacji
	[K7_U41] potrafi dobierać metody modelowania i analizy systemów i aplikacji informacyjnych z wykorzystaniem wybranych elementów informatyki teoretycznej i nowoczesnych narzędzi programistycznych	Student jest w stanie wybrać odpowiedni algorytm bioinformatyczny do wskazanego problemu biologicznego oraz użyć środowiska programistycznego do jego implementacji.	[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi
[K7_U43] potrafi stosować technologie informacyjne w warunkach gospodarki rynkowej i społeczeństwa informacyjnego, a także algorytmizować i informatyzować procesy poznawcze i decyzyjne w innych dziedzinach wiedzy	Student omawia znaczenie biologiczne sekwencji DNA, RNA i białkowych. Student modeluje ewolucje sekwencji jako łańcuch Markowa. Student omawia i wykorzystuje algorytmy składania dwóch i wielu sekwencji, przeprowadza analizy filogenetyczne, wyszukuje geny w DNA.	[SU2] Ocena umiejętności analizy informacji [SU1] Ocena realizacji zadania	
Treści przedmiotu	1. Wprowadzenie biologiczne. 2. Liniowe dopasowanie dwóch sekwencji 3. Liniowe dopasowanie wielu sekwencji 4. Modelowanie ewolucji sekwencji biologicznych 5. Wstęp do filogenetyki, metody dystansowe 6. Odczytywanie historii ewolucji: metoda parsymonii 7. Wyszukiwanie motywów, ukryte modele Markowa		
Wymagania wstępne i dodatkowe	Przedmioty: 1. Praktyka programowania (PPR) 2. Algorytmy i struktury danych (ADST) lub Podstawy analizy algorytmów (FAA) 3. Rachunek prawdopodob. i stat. matemat. (PMS)		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa ocena końcowej
	Projekt	26.0%	50.0%
	Kolokwium w czasie semestru	25.0%	50.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	1. P. Higgs, T. Attwood, "Bioinformatyka i ewolucja molekularna", PWN, 2008. 2. A. Baxevanis, B. Ouellette i inni, "Bioinformatyka, Podręcznik do analizy genów i białek", PWN, 2004. 3. R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison, "Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids", Cambridge University Press, 1999.	

	Uzupełniająca lista lektur	<p>1. P. Winter, G. Hickey, H. Fletcher, "Genetyka, krótkie wykłady", PWN, 2003.</p> <p>2. D. Gusfield, "Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology", Cambridge University Press, 1997.</p> <p>3. M. Waterman, "Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences and Genomes", Chapman & Hall, 1995.</p> <p>4. M. Nei, S. Kumar, "Molecular Evolution and Phylogenetics", Oxford University Press, 2000.</p>
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	