



Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Elementy bioinformatyki, PG_00054280						
Kierunek studiów	Informatyka						
Data rozpoczęcia studiów	luty 2024 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu	2024/2025				
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	1	Język wykładowy	polski				
Semestr studiów	2	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 hab. inż. Michał Małafiejski					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu	dr hab. inż. Michał Małafiejski dr inż. Joanna Raczek mgr inż. Krzysztof Pastuszek					
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_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 zna metody matematyczne wspomagające pozyskiwanie informacji z sekwencji biologicznych i wykorzystuje je w praktyce.	[SW3] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym
	[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 implementuje oprogramowanie bioinformatyczne służące do zestawiania dwóch lub wielu sekwencji biologicznych, modelowania ich ewolucji lub analizujące historię filogenetyczną.	[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi
	[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 analizuje dane bioinformatyczne przy pomocy stworzonego przez siebie oprogramowania, analizuje uzyskane wyniki, ocenia przydatność wybranych metod.	[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi
	[K7_W05] zna i rozumie w pogłębionym stopniu metody wspomaganie procesów i funkcji, specyficzne dla kierunku studiów	Student zna znaczenie biologiczne sekwencji DNA, RNA i białkowych, rozumie modele formalne procesów ich ewolucji oraz metody pozyskiwania informacji z takich danych.	[SW3] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym
[K7_U41] potrafi dobierać metody modelowania i analizy systemów i aplikacji informacyjnych z wykorzystaniem wybranych elementów informatyki teoretycznej i nowoczesnych narzędzi programistycznych	Student wybiera spośród dostępnych modeli, algorytmów lub bibliotek oprogramowania elementy przydatne do przeprowadzenia analiz bioinformatycznych.	[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	Podstawy: - praktyka programowania - algorytmów i struktur danych lub analizy algorytmów - rachunku prawdopodobieństwa i statystyki matematycznej		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa ocena końcowej
	Projekt	52.0%	50.0%
	Kolokwium w czasie semestru	44.0%	50.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<p>1. P. Higgs, T. Attwood, "Bioinformatyka i ewolucja molekularna", PWN, 2008.</p> <p>2. A. Baxevanis, B. Ouellette i inni, "Bioinformatyka, Podręcznik do analizy genów i białek", PWN, 2004.</p> <p>3. R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison, "Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids", Cambridge University Press, 1999.</p>
	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 &amp; Hall, 1995.</p> <p>4. M. Nei, S. Kumar, "Molecular Evolution and Phylogenetics", Oxford University Press, 2000.</p>
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	