



Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Elementy bioinformatyki, PG_00054280						
Kierunek studiów	Informatyka						
Data rozpoczęcia studiów	luty 2025 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2025/2026		
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	Wydziały Politechniki Gdańskiej -> Wydział Elektroniki, Telekomunikacji i Informatyki -> Katedra Algorytmów i Modelowania Systemów						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	prof. dr hab. inż. Krzysztof Giaro					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu	dr inż. Krzysztof Pastuszek dr inż. Joanna Raczek prof. dr hab. inż. Krzysztof Giaro dr hab. inż. Michał Małafiejski					
Formy zajęć	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						
Adresy kursu na platformie eNauczanie: Moodle ID: 1163 Elementy bioinformatyki 2025 https://enauczanie.pg.edu.pl/2025/course/view.php?id=1163							
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_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_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_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_U08] potrafi przy identyfikacji i formułowaniu specyfikacji zadań inżynierskich oraz ich rozwiązywaniu: – wykorzystać metody analityczne, symulacyjne i eksperymentalne, – dostrzegać ich aspekty systemowe i pozatechniczne, – dokonać wstępnej oceny ekonomicznej proponowanych rozwiązań i podejmowanych działań inżynierskich	Student dostrzega sens biologiczny pozyskiwanych i przetwarzanych danych bioinformatycznych oraz dostrzega ich znaczenie w kontekście funkcjonowania żywych organizmów.	[SU3] Ocena umiejętności wykorzystania wiedzy uzyskanej w ramach przedmiotu	
Treści przedmiotu	<p>Treści przedmiotu - wykład</p> <ol style="list-style-type: none"> 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. <p>Treści przedmiotu - projekt</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Bazy danych sekwencji DNA struktura i zawartość informacyjna 2. Algorytmy przeszukiwania baz sekwencyjnych BLAST i jego odmiany 3. Analiza wariantów genetycznych wyszukiwanie i identyfikacja mutacji typu SNP na przykładzie hemochromatozy i anemii sierpowatej 4. Bazy danych struktur białek zawartość rekordu, pochodzenie i interpretacja danych 5. Bazy białek, rodzin białkowych i domen klasyfikacja i funkcjonalne adnotacje 6. Przeglądarka genomów Ensembl struktura, funkcjonalność i zastosowania 7. Wykorzystanie programowania w analizach bioinformatycznych i genetycznych 		
Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>Podstawy:</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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 oceny końcowej
	Projekt	52.0%	50.0%
	Kolokwium w czasie semestru	44.0%	50.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<ol style="list-style-type: none"> 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	<ol style="list-style-type: none"> 1. P. Winter, G. Hickey, H. Fletcher, "Genetyka, krótkie wykłady", PWN, 2003. 2. D. Gusfield, "Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology", Cambridge University Press, 1997. 3. M. Waterman, "Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences and Genomes", Chapman & Hall, 1995. 4. M. Nei, S. Kumar, "Molecular Evolution and Phylogenetics", Oxford University Press, 2000.
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Zajęcia praktyczne w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.