

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Elements of Bioinformatics, PG_00064513						
Kierunek studiów	Informatyka (studia w jęz. angielskim)						
Data rozpoczęcia studiów	luty 2026 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2026/2027		
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		angielski		
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		dr hab. inż. Piotr Mironowicz				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		dr hab. inż. Michał Małafiejski dr hab. inż. Piotr Mironowicz				
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						
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		4.0		16.0	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 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 potrafi formułować i rozwiązywać wybrane problemy obliczeniowe pojawiające się w analizie danych biologicznych, w szczególności sekwencji DNA i białek, wykorzystując metody algorytmiczne, statystyczne oraz modele matematyczne stosowane w bioinformatyce.	[SU2] Ocena umiejętności analizy informacji
	[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 potrafi identyfikować problemy analizy danych biologicznych oraz dobierać odpowiednie metody obliczeniowe, w tym algorytmy dopasowania sekwencji, metody konstrukcji drzew filogenetycznych oraz modele mutacji, wykorzystując podejścia analityczne i symulacyjne.	[SU3] Ocena umiejętności wykorzystania wiedzy uzyskanej w ramach przedmiotu
	[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 potrafi algorytmizować wybrane problemy analizy informacji biologicznej oraz stosować narzędzia informatyczne do przetwarzania i interpretacji danych sekwencyjnych w kontekście badań biologicznych.	[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi
Treści przedmiotu	Treści przedmiotu - wykład 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. Treści przedmiotu - projekt Samodzielna lub zespołowa implementacja wybranych zagadnień obliczeniowych z zakresu algorytmów bioinformatycznych.		
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 oceny końcowej
	Kolokwium w czasie semestru	25.0%	50.0%
	Projekt	26.0%	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	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	Omów metody zestawiania sekwencji DNA Omów podstawowe pojęcia filogenetyki Wskaż główne modele ewolucji DNA		
Zajęcia praktyczne w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.