



Karta przedmiotu

| | | | | | | | |
|---|---|--|------------------------|--------------|--|------------|-------|
| Nazwa i kod przedmiotu | Elements of Bioinformatics, PG_00064513 | | | | | | |
| Kierunek studiów | Informatyka (studia w jęz. angielskim) | | | | | | |
| Data rozpoczęcia studiów | luty 2027 r. | Rok akademicki realizacji przedmiotu | | | 2027/2028 | | |
| 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. Piotr Mironowicz 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 | | | | | | | |
| 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 | <p>Efekt kierunkowy</p> <p>[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</p> | <p>Efekt z przedmiotu</p> <p>Student poznał procesy fizyczne oraz modele zjawisk wyższego poziomu, takie jak modele mutacji DNA lub powstawania cech gatunkowych.</p> | <p>Sposób weryfikacji i oceny efektu</p> <p>[SW1] Ocena wiedzy faktograficznej</p> |
| | <p>[K7_U02] potrafi wykonywać zadania związane z kierunkiem studiów oraz formułować i rozwiązywać problemy z wykorzystaniem nowej wiedzy z fizyki i innych dziedzin nauki</p> | <p>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.</p> | <p>[SU2] Ocena umiejętności analizy informacji</p> |
| | <p>[K7_U08] potrafi przy identyfikacji i formułowaniu specyfikacji zadań inżynierskich oraz ich rozwiązywaniu:</p> <ul style="list-style-type: none"> – wykorzystać metody analityczne, symulacyjne i eksperymentalne, – dostrzegać ich aspekty systemowe i pozatechniczne, – dokonać wstępnej oceny ekonomicznej proponowanych rozwiązań i podejmowanych działań inżynierskich | <p>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.</p> | <p>[SU3] Ocena umiejętności wykorzystania wiedzy uzyskanej w ramach przedmiotu</p> |
| | <p>[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</p> | <p>Student potrafi algorytmizować wybrane problemy analizy informacji biologicznej oraz stosować narzędzia informatyczne do przetwarzania i interpretacji danych sekwencyjnych w kontekście badań biologicznych.</p> | <p>[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi</p> |
| Treści przedmiotu | <p>Treści przedmiotu - wykład</p> <p>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> <p>Treści przedmiotu - projekt</p> <p>Samodzielna lub zespołowa implementacja wybranych zagadnień obliczeniowych z zakresu algorytmów bioinformatycznych.</p> | | |
| Wymagania wstępne i dodatkowe | <p>Przedmioty:</p> <p>1. Praktyka programowania (PPR)</p> <p>2. Algorytmy i struktury danych (ADST) lub Podstawy analizy algorytmów (FAA)</p> <p>3. Rachunek prawdopodob. i stat. matemat. (PMS)</p> | | |
| 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 | <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 & Hall, 1995.</p> <p>4. M. Nei, S. Kumar, "Molecular Evolution and Phylogenetics", Oxford University Press, 2000.</p> | |
| | Adresy eZasobów | | |
| Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania | <p>Omów metody zestawiania sekwencji DNA</p> <p>Omów podstawowe pojęcia filogenetyki</p> <p>Wskaż główne modele ewolucji DNA</p> | | |
| Zajęcia praktyczne w ramach przedmiotu | Nie dotyczy | | |

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.