



Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Struktury danych, PG_00070037						
Kierunek studiów	InfoBioChem						
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		polski		
Semestr studiów	2		Liczba punktów ECTS		3.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		egzamin		
Jednostka prowadząca	Wydziały Politechniki Gdańskiej -> Wydział Chemiczny -> Katedra Technologii Leków i Biochemii						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr hab. inż. Tomasz Laskowski				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	30.0	0.0	30.0	0.0	0.0	60
	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	60		5.0		10.0	75
Cel przedmiotu	Celem przedmiotu „Struktury danych” jest wprowadzenie studentów w podstawy algorytmiki oraz struktury danych, ze szczególnym uwzględnieniem ich zastosowań w analizie danych chemicznych i biologicznych. Studenci poznają zasady projektowania, implementacji oraz optymalizacji algorytmów, w tym analizę ich złożoności obliczeniowej i pamięciowej, co umożliwia efektywne przetwarzanie dużych zbiorów danych. W ramach kursu omawiane są sposoby reprezentacji i organizacji danych (m.in. tablice, listy, drzewa, grafy), a także techniki wyszukiwania, sortowania oraz przetwarzania danych charakterystycznych dla bioinformatyki i chemoinformatyki. Studenci naberą umiejętność doboru odpowiednich struktur danych i algorytmów do konkretnych problemów, takich jak analiza sekwencji DNA/RNA, przetwarzanie struktur molekularnych czy eksploracja baz danych.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[K7_K04] jest gotów do efektywnej organizacji swojego czasu pracy, w tym rzetelnego dotrzymywania wyznaczonych terminów realizacji określonych zadań	jest przygotowany do efektywnego zarządzania swoim czasem, realizuje określone zadania w wyznaczonym terminie.	[SK2] Ocena postępów pracy [SK3] Ocena umiejętności organizacji pracy
	[K7_U04] potrafi trafnie dobierać i stosować metody i narzędzia badawcze właściwe dla kierunku studiów w obszarze nauk biologicznych i medycznych oraz chemicznych w tym biologii molekularnej, systemowej, medycznej, biotechnologii i bioinformatyki	potrafi wybrać odpowiednią metodę do określonego zadania, potrafi napisać odpowiedni algorytm oraz potrafi w sposób efektywny posługiwać się różnymi strukturami danych.	[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi
	[K7_U02] potrafi posługiwać się informatycznymi narzędziami służącymi do operacji na sekwencjach nukleotydowych i białkowych	potrafi dobrać odpowiednie narzędzie do rozwiązania określonego problemu dotyczącego przetwarzania sekwencji nukleotydowych.	[SU1] Ocena realizacji zadania
	[K7_W07] zna i rozumie w pogłębionym stopniu budowę i zasady działania komponentów i systemów związanych z kierunkiem studiów, w tym teorie, metody i złożone zależności między nimi oraz wybrane zagadnienia szczegółowe – właściwe dla kierunku studiów InfoBioChem	zna i potrafi posługiwać się językami programowania Python oraz Java, rozumie aspekty złożoności algorytmów i analizy asymptotycznej, danych pierwotnych oraz abstrakcyjnych.	[SW1] Ocena wiedzy faktograficznej
Treści przedmiotu	Treści przedmiotu - wykład		
	Treści przedmiotu - laboratoria		
Wymagania wstępne i dodatkowe	Podstawowa znajomość języka Python.		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Wykład: egzamin pisemny	60.0%	50.0%
	Laboratorium:	60.0%	50.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	T. Cormen, Introduction to Algorithms, The MIT Press 2009	
	Uzupełniająca lista lektur	J. D. Ullman, J.E. Hopcroft, A. V. Aho, Data Structures and Algorithms, Addison-Wesley Educational Publishers Inc, 2001	
	Adresy eZasobów		
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<ul style="list-style-type: none">Wyszukiwanie wybranych motywów w sekwencjach DNA.Sortowanie list związków chemicznych.Mapowanie k-merów		
Zajęcia praktyczne w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.