

KARTA OPISU MODUŁU KSZTAŁCENIA		
Nazwa modułu/przedmiotu Bioinformatyka		Kod 1010511361010518019
Kierunek studiów Informatyka	Profil kształcenia (ogólnoakademicki, praktyczny) ogólnoakademicki	Rok / Semestr 3 / 6
Ścieżka obieralności/specjalność -	Przedmiot oferowany w języku: polski	Kurs (obligatoryjny/obieralny) obieralny
Stopień studiów: I stopień	Forma studiów (stacjonarna/niestacjonarna) stacjonarna	
Godziny Wykłady: 30 Ćwiczenia: - Laboratoria: 30 Projekty/seminaria: -		Liczba punktów 4
Status przedmiotu w programie studiów (podstawowy, kierunkowy, inny) kierunkowy		(ogólnouczelniany, z innego kierunku) z danego kierunku
Obszar(y) kształcenia i dziedzina(y) nauki i sztuki nauki techniczne		Podział ECTS (liczba i %) 4 100%
Odpowiedzialny za przedmiot / wykładowca:		
prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz email: Piotr.Formanowicz@cs.put.poznan.pl tel. 61 6653028 Wydział Informatyki ul. Piotrowo 3, 60-965 Poznań		prof. dr hab. inż. Marta Kasprzak email: Marta.Kasprzak@cs.put.poznan.pl tel. 61 6653028 Wydział Informatyki ul. Piotrowo 3, 60-965 Poznań
Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności, kompetencji społecznych:		
1	Wiedza:	Student rozpoczynający ten przedmiot powinien posiadać podstawową wiedzę z zakresu algorytmów i struktur danych, złożoności obliczeniowej oraz optymalizacji kombinatorycznej.
2	Umiejętności:	Student powinien posiadać umiejętność tworzenia programów w języku C/C++. Powinien również rozumieć konieczność poszerzania swoich kompetencji i mieć gotowość do podjęcia współpracy w ramach zespołu.
3	Kompetencje społeczne	W zakresie kompetencji społecznych student musi prezentować takie postawy jak uczciwość, odpowiedzialność, wytrwałość, ciekawość poznawcza, kreatywność, kultura osobista, szacunek dla innych ludzi.
Cel przedmiotu:		
1. Przekazanie studentom podstawowej wiedzy z bioinformatyki, przede wszystkim w zakresie zastosowania metod kombinatorycznych do rozwiązywania problemów biologicznych.		
2. Rozwijanie u studentów umiejętności rozwiązywania problemów pojawiających się na gruncie nauk biologicznych, głównie biologii molekularnej, za pomocą metod optymalizacji kombinatorycznej.		
3. Kształtowanie u studentów umiejętności pracy zespołowej poprzez pracę w grupach dwuosobowych nad rozwiązaniem postawionych problemów bioinformatycznych.		
Efekty kształcenia i odniesienie do kierunkowych efektów kształcenia		
Wiedza:		
1. Student ma uporządkowaną, podbudowaną teoretycznie wiedzę z zakresu wybranych zagadnień bioinformatyki - [K1st_W4]		
2. Student ma wiedzę o trendach rozwojowych i najistotniejszych nowych osiągnięciach w bioinformatyce - [K1st_W5]		
3. Student zna podstawowe metody, techniki i narzędzia stosowane przy rozwiązywaniu prostych zadań informatycznych z zakresu bioinformatyki - [K1st_W7]		
Umiejętności:		

1. Student potrafi pozyskać informacje z literatury, baz danych oraz innych źródeł w celu utrwalenia i poszerzenia wiedzy z zakresu bioinformatyki - [K1st_U1]
2. Student potrafi planować i przeprowadzać eksperymenty obliczeniowe, interpretować uzyskane wyniki i wyciągać wnioski - [K1st_U3]
3. Student potrafi zastosować do formułowania i rozwiązywania zadań bioinformatycznych metody analityczne i eksperymentalne - [K1st_U4]
4. Student ma umiejętność formułowania algorytmów i ich implementacji z użyciem narzędzi wykorzystywanych w bioinformatyce - [K1st_U11]
5. Student potrafi porozumiewać się, stosując specjalistyczną terminologię bioinformatyczną, w środowisku zawodowym i w innych środowiskach - [K1st_U15]
6. Student potrafi, współdziałając w grupie dwuosobowej, rozwiązać postawiony problem bioinformatyczny - [K1st_U18]
Kompetencje społeczne:
1. Student rozumie, że w bioinformatyce wiedza i umiejętności mogą bardzo szybko stać się przestarzałe - [K1st_K1]
2. Student ma świadomość znaczenia wiedzy informatycznej w rozwiązywaniu problemów biologicznych - [K1st_K2]

Sposoby sprawdzenia efektów kształcenia

Ocena formująca:

- a) w zakresie laboratoriów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:
- ocenę bieżącego postępu realizacji zadań

Ocena podsumowująca:

- a) w zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:
- ocenę stopnia przyswojenia wiedzy prezentowanej na wykładach, wykazanej w przygotowanym eseju na wybrany temat z obszaru bioinformatyki
- b) w zakresie laboratoriów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:
- ocenę i "obronę" zrealizowanego ćwiczenia oraz ocenę sprawozdania

Aktywność podczas zajęć jest premiowana, w szczególności brane pod uwagę są:

- omówienie dodatkowych aspektów zagadnienia,
- efektywność zastosowania zdobytej wiedzy podczas rozwiązywania zadanych problemów,
- terminowa realizacja ćwiczeń laboratoryjnych,
- systematyczne uczestnictwo w wykładach.

Treści programowe

W ramach wykładu studenci poznają podstawowe problemy pojawiające się we współcześnie prowadzonych badaniach na gruncie nauk biologicznych oraz metody ich algorytmicznego rozwiązania. Pierwsza część wykładów poświęcona jest pojęciom i zagadnieniom z zakresu pozyskiwania informacji o strukturze pierwszorzędowej DNA, tj. sekwencji nukleotydów, oraz sposobom jej przetwarzania. Druga część wykładów poświęcona jest analizie bardziej złożonych struktur i systemów biologicznych. Omawiane są m.in. problemy kombinatoryczne pojawiające się przy analizie widm pochodzących ze spektrometrów masowych, związane z analizą łańcuchów peptydowych oraz mniejszych cząsteczek. Przedstawiane są sposoby modelowania i analizy złożonych systemów biologicznych za pomocą metod opartych na sieciach, w szczególności na sieciach Petriego. Ponadto zaprezentowana jest idea tzw. komputerów DNA, polegająca na wykorzystaniu cząsteczek DNA do wykonywania obliczeń.

Kolejne wykłady dedykowane są następującej tematyce.

- Wykład 1: wprowadzenie
- Wykład 2: sekwencjonowanie cz. 1
- Wykład 3: sekwencjonowanie cz. 2
- Wykład 4: sekwencjonowanie cz. 3
- Wykład 5: dopasowanie sekwencji
- Wykład 6: poszukiwanie motywów
- Wykład 7: asemlacja
- Wykład 8: mapowanie
- Wykład 9: drzewa filogenetyczne
- Wykład 10: spektrometria
- Wykład 11: struktury przestrzenne
- Wykład 12: złożone systemy biologiczne cz. 1
- Wykład 13: złożone systemy biologiczne cz. 2
- Wykład 14: komputery DNA

W trakcie zajęć laboratoryjnych studenci rozwiązują w sposób teoretyczny i praktyczny problemy natury bioinformatycznej. Projektują i implementują autorskie algorytmy oraz sprawdzają ich działanie w serii testów na danych pochodzących m.in. z rzeczywistych eksperymentów biologicznych. Problemy te, sformułowane na gruncie kombinatorycznym, należą do klasy problemów trudnych obliczeniowo, dlatego też opracowanie algorytmu efektywnego zarówno od strony jakości uzyskiwanych wyników, jak i czasu trwania obliczeń, stanowi wyzwanie dla studentów. Kolejne etapy realizacji ćwiczenia są opisywane w sprawozdaniach, z położeniem nacisku na analizę teoretyczną problemu, oryginalność zaproponowanego rozwiązania, optymalizację kodu źródłowego programu, wnioski płynące z testów na zróżnicowanych instancjach.

Metody dydaktyczne:

- Wykład: prezentacja ilustrowana przykładami podawanymi na tablicy, rozwiązywanie zadań.
- Ćwiczenia laboratoryjne: projektowanie i implementacja algorytmów, wykonywanie eksperymentów obliczeniowych, dyskusja.

Literatura podstawowa:

1. Podstawy bioinformatyki, Jin Xiong, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa, 2011
2. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2012
3. Wybrane algorytmy i modele grafowe w bioinformatyce, Marta Kasprzak, Wydawnictwo Politechniki Poznańskiej, Poznań, 2013

Literatura uzupełniająca:

1. Computational Molecular Biology: an Algorithmic Approach, Pavel A. Pevzner, MIT Press, Cambridge, MA, 2000
2. Systems Biology: a Textbook, Edda Klipp, Wolfram Liebermeister, Christoph Wierling, Axel Kowald, Wiley, 2016
3. Analysis of Biological Networks, Björn H. Junker, Falk Schreiber (Eds.), Wiley-Interscience 2008
4. Modeling in Systems Biology. The Petri Net Approach, Ina Koch, Wolfgang Reisig, Falk Schreiber (Eds.), Springer, 2011
5. Introduction to the Modeling and Analysis of Complex Systems, Hiroki Sayama, Open SUNY Textbooks, 2015
6. Hemojuvelin-hepcidine axis modeled and analyzed using Petri nets, Dorota Formanowicz, Adam Kozak, Tomasz Głowacki, Marcin Radom, Piotr Formanowicz, Journal of Biomedical Informatics, 2013, 46, 1030-1043
7. DNA computing, Piotr Formanowicz, Computational Methods in Science and Technology, 2005, 11, 11-20

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

Czynność	Czas (godz.)
----------	--------------

1. Udział w wykładach	30
2. Udział w zajęciach laboratoryjnych	30
3. Zaprojektowanie algorytmów (czas poza zajęciami laboratoryjnymi)	15
4. Implementacja algorytmów, weryfikacja programów oraz przeprowadzenie eksperymentów obliczeniowych (czas poza zajęciami laboratoryjnymi)	15
5. Przygotowanie (w ramach pracy własnej) sprawozdań z ćwiczeń laboratoryjnych	5
6. Udział w konsultacjach związanych z realizacją procesu kształcenia, w szczególności ćwiczeń laboratoryjnych	2
7. Napisanie eseju zaliczeniowego z wykładów	8
Obciążenie pracą studenta	
forma aktywności	godzin
ECTS	
Łączny nakład pracy	105
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	62
Zajęcia o charakterze praktycznym	67