



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Bioinformatyka

Przedmiot

Kierunek studiów

Informatyka

Studia w zakresie (specjalność)

Poziom studiów

pierwszego stopnia

Forma studiów

stacjonarne

Rok/semestr

3/6

Profil studiów

ogólnoakademicki

Język oferowanego przedmiotu

polski

Wymagalność

obieralny

Liczba godzin

Wykład

30

Ćwiczenia

Laboratoria

30

Projekty/seminaria

Inne (np. online)

Liczba punktów ECTS

4

Wykładowcy

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz

Wydział Informatyki i Telekomunikacji

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

prof. dr hab. inż. Marta Kasprzak

Wydział Informatyki i Telekomunikacji

Wymagania wstępne

Student rozpoczynający ten przedmiot powinien posiadać podstawową wiedzę z zakresu algorytmów i struktur danych, złożoności obliczeniowej oraz optymalizacji kombinatorycznej. 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.

Cel przedmiotu

Przekazanie studentom podstawowej wiedzy z bioinformatyki, przede wszystkim w zakresie zastosowania metod kombinatorycznych do rozwiązywania problemów biologicznych. Rozwijanie u studentów umiejętności rozwiązywania problemów pojawiających się na gruncie nauk biologicznych, głównie biologii molekularnej, za pomocą metod optymalizacji kombinatorycznej. Kształtowanie u studentów umiejętności pracy zespołowej poprzez pracę w grupach dwuosobowych nad rozwiązaniem postawionych problemów bioinformatycznych.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza



1. Student ma uporządkowaną, podbudowaną teoretycznie wiedzę z zakresu wybranych zagadnień bioinformatyki.
2. Student ma wiedzę o trendach rozwojowych i najistotniejszych nowych osiągnięciach w bioinformatyce.
3. Student zna podstawowe metody, techniki i narzędzia stosowane przy rozwiązywaniu prostych zadań informatycznych z zakresu bioinformatyki.

Umiejętności

1. Student potrafi pozyskać informacje z literatury, baz danych oraz innych źródeł w celu utrwalenia i poszerzenia wiedzy z zakresu bioinformatyki.
2. Student potrafi zastosować do formułowania i rozwiązywania zadań bioinformatycznych metody analityczne i eksperymentalne.
3. Student potrafi porozumiewać się, stosując specjalistyczną terminologię bioinformatyczną, w środowisku zawodowym i w innych środowiskach.
4. Student potrafi, współdziałając w grupie dwuosobowej, rozwiązać postawiony problem bioinformatyczny.

Kompetencje społeczne

1. Student rozumie, że w bioinformatyce wiedza i umiejętności mogą bardzo szybko stać się przestarzałe.
2. Student ma świadomość znaczenia wiedzy informatycznej w rozwiązywaniu problemów biologicznych.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

W zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów uczenia się realizowane jest przez ocenę stopnia przyswojenia prezentowanej wiedzy, wykazanej w eseju o treści odnoszącej się do tematyki wykładów ze szczególnym uwzględnieniem wybranego przez studenta obszaru bioinformatyki; premiowane jest systematyczne uczestnictwo w wykładach. W zakresie zajęć laboratoryjnych weryfikowanie założonych efektów uczenia się realizowane jest przez ocenę bieżącego postępu realizacji zadań, ocenę i obronę zrealizowanego ćwiczenia oraz ocenę sprawozdania; na ocenę wpływa zastosowanie zdobytej wiedzy podczas rozwiązywania zadanego problemu oraz terminowa realizacja ćwiczenia.

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: asemblacja
- 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



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

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	100	4,0
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	62	2,5
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych, napisanie eseju zaliczeniowego z wykładów) ¹	38	1,5

¹ niepotrzebne skreślić lub dopisać inne czynności