

WYDZIAŁ PODSTAWOWYCH PROBLEMÓW TECHNIKI

KARTA PRZEDMIOTU

| | |
|---|--|
| Nazwa w języku polskim | BIOINFORMATYKA I BIOLOGIA OBLICZENIOWA |
| Nazwa w języku angielskim | BIOINFORMATICS AND COMPUTATIONAL BIOLOGY |
| Kierunek studiów (jeśli dotyczy): Specjalność (jeśli dotyczy): | INŻYNIERIA BIOMEDYCZNA ELEKTRONIKA MEDYCZNA, OPTYKA BIOMEDYCZNA |
| Stopień studiów i forma: | I / II stopień*, stacjonarna / niestacjonarna* |
| Rodzaj przedmiotu: | obowiązkowy / wybieralny / ogólnouczelniany * |
| Kod przedmiotu | ETP002942W, ETP002915L |
| Grupa kursów | TAK / NIE* |

| | Wykład | Ćwiczenia | Laboratorium | Projekt | Seminarium |
|---|--------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|
| Liczba godzin zajęć zorganizowanych w Uczelni (ZZU) | 30 | | 30 | | |
| Liczba godzin całkowitego nakładu pracy studenta (CNPS) | 60 | | 60 | | |
| Forma zaliczenia | Egzamin / zaliczenie na ocenę* | Egzamin / zaliczenie na ocenę* | Egzamin / zaliczenie na ocenę* | Egzamin / zaliczenie na ocenę* | Egzamin / zaliczenie na ocenę* |
| Dla grupy kursów zaznaczyć kurs końcowy (X) | | | | | |
| Liczba punktów ECTS | 2 | | 2 | | |
| w tym liczba punktów odpowiadająca zajęciom o charakterze praktycznym (P) | | | 2 | | |
| w tym liczba punktów ECTS odpowiadająca zajęciom wymagającym bezpośredniego kontaktu (BK) | 1,2 | | 1,2 | | |

*niepotrzebne skreślić

WYMAGANIA WSTĘPNE W ZAKRESIE WIEDZY, UMIEJĘTNOŚCI I INNYCH

Podstawowa umiejętność programowania w dowolnym języku wysokiego poziomu.

CELE PRZEDMIOTU

C1 Uzyskanie podstawowej wiedzy z zakresu komputerowych metod obliczeniowych stosowanych w analizie sekwencji i struktur molekularnych. C2 Rozwój umiejętności programowania.

PRZEDMIOTOWE EFEKTY KSZTAŁCENIA

Z zakresu wiedzy:

PEK_W01 Ma uporządkowaną, podbudowaną teoretycznie wiedzę ogólną obejmującą metody obliczeniowe oraz bazy danych z zakresu biologii molekularnej.

PEK_W02 Ma podstawową wiedzę o trendach rozwojowych z zakresu dziedzin nauki i dyscyplin naukowych właściwych dla inżynierii biomedycznej

Z zakresu umiejętności:

PEK_U01 Potrafi wykorzystać istniejące bazy danych i bioinformatyczne narzędzia obliczeniowe oraz zaimplementować prosty algorytm bioinformatyczny.

Z zakresu kompetencji społecznych:

PEK_K01 Potrafi formułować opinie na temat podstawowych zagadnień z zakresu bioinżynierii i innych dyscyplin związanych z bioinżynierią

TREŚCI PROGRAMOWE

| TREŚCI PROGRAMOWE | | |
|----------------------|---|---------------|
| Forma zajęć - wykład | | Liczba godzin |
| Wy1 | Wstęp do bioinformatyki. Związki pomiędzy informatyką, bioinformatyką i biotechnologią. Przykłady problemów i podstawowe narzędzia. | 2 |
| Wy2 | Programowanie dynamiczne na przykładzie analizy globalnego podobieństwa sekwencji biologicznych. | 2 |
| Wy3 | Lokalne metody dopasowania sekwencji. | 2 |
| Wy4 | Algorytmy równoczesnego dopasowywania wielu sekwencji. Macierze substytucji. | 2 |
| Wy5 | Algorytmy modeli ewolucyjnych i wyznaczanie drzew filogenetycznych. | 2 |
| Wy6 | Łańcuchy Markowa i ukryte modele Markowa. Algorytm Viterbiego. | 2 |
| Wy7 | Algorytm prefiksowy i sufiksowy. | 2 |
| Wy8 | Ukryte modele Markowa ze stanami cichymi. | 2 |
| Wy9 | Od sekwencji do struktury białka. Metody sztucznej inteligencji w modelowaniu nieznannej struktury drugorzędowej białek. | 2 |

| | | |
|------|--|-----------|
| Wy10 | Metody komputerowego modelowania nieznanej struktury trzecio- i czwartorzędowej białek. | 2 |
| Wy11 | Komputerowe modelowanie wybranego zagadnienia strukturalnej biologii obliczeniowej. | 2 |
| Wy12 | Relacyjne bazy danych na przykładzie ontologii biomedycznych. | 2 |
| Wy13 | Problematyka "big data". Metody efektywnego przeszukiwania danych – algorytmy drążenia danych. | 2 |
| Wy14 | Modelowanie sieci zależności na przykładzie sieci genowych i ścieżek sygnałowych | 2 |
| Wy15 | Podsumowanie. Termin zerowy egzaminu. | 2 |
| | Suma godzin | 30 |

| | Forma zajęć - laboratorium | Liczba godzin |
|---------|--|----------------------|
| La1-2 | Bioinformatyczne bazy danych i serwisy internetowe. | 4 |
| La3 | Istniejące narzędzia analizy sekwencji w biologii obliczeniowej. | 2 |
| La4La6 | Programowanie dynamiczne. Możliwość samodzielnej implementacji wybranego algorytmu dopasowania globalnego lub lokalnego. | 6 |
| La7 | Obliczanie drzew filogenetycznych | 2 |
| La8-9 | Analiza genów. Opcjonalnie: implementacja wybranego algorytmu biologii obliczeniowej dot. sekwencji. | 4 |
| La10-11 | Środowisko Pymol w wizualizacji i obliczeniach. | 4 |
| La12 | Dostępne narzędzia i serwisy do przewidywania nieznanych struktur molekularnych. Modelowanie nieznanej struktury molekularnej. | 2 |
| La13-14 | Opracowanie własnego projektu. | 4 |
| La15 | Zaliczenie laboratorium | 2 |
| | Suma godzin | 30 |

| STOSOWANE NARZĘDZIA DYDAKTYCZNE |
|--|
| N1. Wykład na tablicy wspomagany narzędziami multimedialnymi N2. Wykorzystanie środowisk programistycznych N3. Praca z gotowymi narzędziami N4. Konsultacje |

OCENA OSIĄGNIĘCIA PRZEDMIOTOWYCH EFEKTÓW KSZTAŁCENIA

| Oceny F – formująca (w trakcie semestru), P – podsumowująca (na koniec semestru) | Numer efektu kształcenia | Sposób oceny osiągnięcia efektu kształcenia |
|--|--------------------------|---|
| | | |

| | | |
|----|--------------------|---|
| F1 | PEK_W01 PEK_W02 | Ocena z egzaminu |
| F2 | PEK_U01 PEK_K01 | 1. Zadania do wykonania na ćwiczeniach 2. Krótkie testy sprawdzające |

P = F1 - wykład - ocena z egzaminu

P = F2 - laboratorium – średnia ważona ocen z poszczególnych zadań

LITERATURA PODSTAWOWA I UZUPEŁNIAJĄCA

LITERATURA PODSTAWOWA:

- [1] Higgs PG, Attwood T.K, *Bioinformatyka i ewolucja molekularna*, PWN 2012.
- [2] Baxevanis AD, Quellette BF (red.), *Bioinformatyka*, PWN 2004.
- [3] Xiong J, *Podstawy bioinformatyki*, Wyd. Uniwersytetu Warszawskiego 2009.

LITERATURA UZUPEŁNIAJĄCA:

- [4] Isaev A, *Introduction to mathematical methods in bioinformatics*, Springer-Verlag 2006.
- [5] Pawłowski P, Polański A, Świerniak A, Zielenkiewicz P (red), *Bioinformatyka*, Exit 2014. [6] Zvelebil M, Baum JO, *Understanding Bioinformatics*, Garland Science 2008.

OPIEKUN PRZEDMIOTU (IMIE, NAZWISKO, ADRES E-MAIL)

Dr hab. inż. Małgorzata Kotulska, prof. nadzw. PWr
malgorzata.kotulska@pwr.edu.pl

MACIERZ POWIĄZANIA EFEKTÓW KSZTAŁCENIA DLA PRZEDMIOTU
Bioinformatyka i biologia obliczeniowa
Z EFEKTAMI KSZTAŁCENIA NA KIERUNKU Inżynieria Biomedyczna I
SPECJALNOŚCI Elektronika Medyczna, Optyka Biomedyczna

| Przedmiotowy efekt kształcenia | Odniesienie przedmiotowego efektu do efektów kształcenia zdefiniowanych dla kierunku studiów i specjalności (o ile dotyczy)** | Cele przedmiotu** * | Treści programowe** * | Numer narzędzia dydaktycznego* ** |
|--------------------------------|---|------------------------|--------------------------|--------------------------------------|
| PEK_W01 (wiedza) | K7IBM_W02 | C1, C2 | Wy1-Wy15 | N1-N5 |
| PEK_W02 | K7IBM_W04 | C1, C2 | Wy1-Wy15 | N1-N5 |
| PEK_U01 (umiejętności) | K7IBM_U06 K7IBM_U11 | C1, C2 | La1-La14 | N2-N5 |
| PEK_K01 (kompetencje) | K7IBM_K05 | C1, C2 | La1-La14 | N3, N4 |

** - wpisać symbole kierunkowych/specjalnościowych efektów kształcenia ***
- z tabeli powyżej