

WYDZIAŁ PODSTAWOWYCH PROBLEMÓW TECHNIKI

KARTA PRZEDMIOTU

Nazwa w języku polskim **WSTĘP DO BIOINFORMATYKI**
 Nazwa w języku angielskim **INTRODUCTION TO BIOINFORMATICS**
 Kierunek studiów (jeśli dotyczy): **INŻYNIERIA BIOMEDYCZNA**
 Specjalność (jeśli dotyczy): **INFORMATYKA BIOMEDYCZNA**
 Stopień studiów i forma: **I / II stopień*, stacjonarna / ~~niestacjonarna*~~**
 Rodzaj przedmiotu: **~~obowiązkowy~~ / wybieralny / ~~ogólnouczelniany*~~**
 Kod przedmiotu **INP002019**
 Grupa kursów **~~TAK~~ / NIE***

	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium
Liczba godzin zajęć zorganizowanych w Uczelni (ZZU)	15		30		
Liczba godzin całkowitego nakładu pracy studenta (CNPS)	30		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	1		2		
w tym liczba punktów odpowiadająca zajęciom o charakterze praktycznym (P)			2		
w tym liczba punktów ECTS odpowiadająca zajęciom wymagającym bezpośredniego kontaktu (BK)	0,7		1,2		

*niepotrzebne skreślić

WYMAGANIA WSTĘPNE W ZAKRESIE WIEDZY, UMIEJĘTNOŚCI I KOMPETENCJI SPOŁECZNYCH

W: Ma podstawową wiedzę z dziedziny biochemii
 U: Ma podstawową umiejętność programowania w dowolnym języku wysokiego poziomu

CELE PRZEDMIOTU

- C1 Uzyskanie podstawowej wiedzy z zakresu bioinformatyki i metodologii zagadnień rozwiązywanych przez bioinformatykę
 C2 Uzyskanie podstawowej wiedzy z zakresu algorytmów komputerowych stosowanych w bioinformatyce oraz rozwinięcie ogólnej umiejętności programowania

PRZEDMIOTOWE EFEKTY UCZENIA SIĘ

Z zakresu wiedzy:

PEU_W01 - K6IBM_SINM_W1

Ma uporządkowaną, podbudowaną teoretycznie wiedzę ogólną obejmującą zastosowanie metod obliczeniowych z zakresu przetwarzania sekwencji biologicznych

Z zakresu umiejętności:

PEU_U01 - K6IBM_SINM_U2

Potrafi poprawnie i efektywnie wykorzystać teoretyczną wiedzę o metodzie do budowy własnego algorytmu oraz jego skutecznej implementacji

Z zakresu kompetencji społecznych:

PEU_K01 - K6IBM_K06

Potrafi formułować opinie na temat podstawowych zagadnień z zakresu bioinformatyki

TREŚCI PROGRAMOWE

Forma zajęć - wykład		Liczba godzin
Wy1	Problematyka bioinformatyki.	1
Wy2	Historia ludzkości w DNA. Źródła danych molekularnych – ich zakres i struktura.	2
Wy3	Wyznaczanie pokrewieństwa organizmów – problemy, pierwotne algorytmy, programowanie dynamiczne	2
Wy4	Uliniowanie homologów globalne i lokalne – cd., algorytmy MSA dla rodzin	2
Wy5	Ilościowe metody wyznaczania pokrewieństwa, algorytm UPGMA	2
Wy6	Modelowanie szybkości ewolucji – modele i algorytmy	2
Wy7	Odkrywanie nieznannej struktury białka za pomocą uczenia maszynowego – sieci neuronowe	2
Wy8	Kolokwium	2
	Suma godzin	15

Forma zajęć - laboratorium		Liczba godzin
La1	Zakres i regulamin. NCBI i EBI-EMBL jako źródła danych i narzędzi bioinformatycznych	2
La2	Zadanie 1 – algorytm kropkowy dopasowania par sekwencji 1	2
La3	Zadanie 1 – algorytm kropkowy 2	2
La4	Zadanie 2 – globalne dopasowanie par 1	2
La5	Zadanie 2 – globalne dopasowanie par 2	2
La6	Zadanie 3 – lokalne dopasowanie par 1	2
La7	Zadanie 3 – lokalne dopasowanie par 2	2
La8	Prezentacja efektów indywidualnego programu, zawierającego zadania 1-3	2
La9	Zadanie 4 – dopasowanie rodziny sekwencji 1	2
La10	Zadanie 4 – dopasowanie rodziny sekwencji 2	2
La11	Zadanie 5 – budowa drzewa filogenetycznego UPGMA lub innego 1	2
La12	Zadanie 5 – budowa drzewa filogenetycznego 2	2
La13	Prezentacja efektów indywidualnego programu, zawierającego zadania 4-5	2
La14	Zastosowanie sieci neuronowej do przewidywania struktury drugorzędowej białka	2
La15	Zaliczenie laboratorium	2
	Suma godzin	30

STOSOWANE NARZĘDZIA DYDAKTYCZNE

- N1. Tablica, komputer, rzutnik,
- N2. Zadania programistyczne do samodzielnej realizacji
- N3. Komputer i oprogramowanie Matlab
- N4. Serwisy bioinformatyczne jako źródło danych wejściowych do własnych programów

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 kolokwium
F2	PEK_U01 PEK_K01	Oceny z poszczególnych zadań
P = F1 - wykład - ocena z kolokwium P = F2 - laboratorium – ważona średnia z ocen z wykonanych zadań w F2		

LITERATURA PODSTAWOWA I UZUPEŁNIAJĄCA

LITERATURA PODSTAWOWA:

- [1] P. G. Higgs, T.K. Atwood, Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN 2012

LITERATURA UZUPEŁNIAJĄCA:

- [1] A. Isaev, Introduction to Mathematical Methods in Bioinformatics, Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2006
- [2] G. B. Singh, Fundamentals of bioinformatics and computational biology: methods and exercises in MATLAB, Gautam 2015

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

Prof. dr hab. inż. Małgorzata Kotulska
malgorzata.kotulska@pwr.edu.pl