

Nazwa Wydziału	Wydział Matematyki i Informatyki
Nazwa jednostki prowadzącej moduł	Instytut Informatyki
Nazwa modułu kształcenia	Bioinformatyka strukturalna
Kod modułu	
Język kształcenia	Polski
Efekty kształcenia dla modułu kształcenia	<p>Wiedza:</p> <ul style="list-style-type: none"> • student zna główne problemy i wyzwania bioinformatyki strukturalnej, • posługuje się poprawną terminologią z tego obszaru, • zna metody uczenia maszynowego stosowane w bioinformatyce, potrafi wskazać przykłady zastosowań poszczególnych metod; • zna najważniejsze bazy danych strukturalnych, potrafi się w nich poruszać, zna podstawowe formaty przechowywania danych; • zna podstawowe klasyfikacje rodzin struktur białkowych; • potrafi opisać problem i scharakteryzować podejście do jego rozwiązania, w szczególności w obszarach: <ul style="list-style-type: none"> - przewidywania struktury drugorzędowej RNA i białek; - przewidywania struktury trzeciorzędowej RNA i białek; - przewidywania oddziaływań wewnątrz- i międzycząsteczkowych, • zna sposoby oceniania wiarygodności i użyteczności stosowanych algorytmów. <p>Umiejętności:</p> <ul style="list-style-type: none"> • student potrafi odnaleźć w bazie poszukiwaną strukturę molekularną, ocenić jej podobieństwo do innych znanych struktur, zidentyfikować sekwencje genów homologicznych do analizowanej struktury, • zna i potrafi wykorzystywać narzędzia do wizualizacji biomolekuł, • potrafi tworzyć narzędzia programistyczne w celu rozwiązywania problemów bioinformatycznych, wykorzystując w szczególności techniki uczenia maszynowego i eksploracji danych; • zna najważniejsze biblioteki i narzędzia ułatwiające tworzenie powyższych implementacji; • umie przygotować i zrealizować plan działań związanych z testowaniem i walidacją implementowanego algorytmu.
Typ modułu kształcenia (obowiązkowy/fakultatywny)	obowiązkowy – dla specjalności Bioinformatyka fakultatywny – dla pozostałych studentów
Rok studiów	dla specjalności Bioinformatyka: rok 3, studia I stopnia; dla pozostałych: dowolny
Semestr	zimowy
Imię i nazwisko osoby/osób prowadzących moduł	dr Jacek Śmietański
Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>- umiejętność programowania; - znajomość podstawowych struktur danych i technik algorytmicznych; - podstawowa wiedza biologiczna i bioinformatyczna (przepływ informacji biologicznej, DNA, RNA, białko, podstawy bioinformatyki: porównywanie sekwencji, itp.)</p> <p><i>Dla studentów spoza specjalności Bioinformatyka, wskazane jest wcześniejsze ukończenie podstawowego kursu „Bioinformatyka”, realizowanego przeze mnie w semestrze letnim.</i></p>

Rodzaj i liczba godzin zajęć dydaktycznych wymagających bezpośredniego udziału nauczyciela akademickiego i studentów, gdy w danym module przewidziane są takie zajęcia	Wykład, laboratorium Wykład: 30 Laboratorium: 30 Łącznie: 60
Liczba punktów ECTS przypisana modułowi	6
Bilans punktów ECTS	60 godz. zajęć oraz 120 godz. pracy własnej studentów (realizacja zadań, przygotowanie i realizacja projektu zaliczeniowego, przygotowanie do egzaminu).
Stosowane metody dydaktyczne	1. Wykład ilustrowany prezentacją komputerową 2. Ćwiczenia w laboratorium komputerowym, połączone z dyskusją przy tablicy 3. Samodzielna implementacja zadań programistycznych
Metody sprawdzania i kryteria oceny efektów kształcenia uzyskanych przez studentów	System punktowy. Punkty będzie można otrzymać za: - aktywność na zajęciach; - realizację zadań domowych / projektu zaliczeniowego; - egzamin
Forma i warunki zaliczenia modułu, w tym zasady dopuszczenia do egzaminu, zaliczenia, a także forma i warunki zaliczenia poszczególnych zajęć wchodzących w zakres danego modułu	Egzamin pisemny: test jednokrotnego wyboru. Ocena z przedmiotu uzależniona będzie od liczby punktów zdobytych łącznie w ramach ćwiczeń i na egzaminie. Proporcje punktów oraz szczegółowe zasady zaliczenia podane zostaną na początku semestru, przed rozpoczęciem pierwszych zajęć.
Treści modułu kształcenia	1. Bazy danych struktur molekularnych. Klasyfikacja i wizualizacja struktur. 2. Odkrywanie wiedzy i uczenie maszynowe w bioinformatyce: wprowadzenie; wymiar przestrzeni cech; problemy klasyfikacji 3. Sieci neuronowe, maszyny wektorów wspierających 4. Ukryte modele Markowa; drzewa decyzyjne; wprowadzenie do problemów predykcji. 5. Przewidywanie struktury drugorzędowej 6. Przewidywanie struktury przestrzennej – homologiczne 7. Przewidywanie struktury przestrzennej – bez wzorca 8. Oszacowanie jakości modeli białkowych 9. Przewidywanie interakcji wewnątrz- i międzycząsteczkowych 10. Przewidywanie enzymów i ich centrów aktywnych 11. Dokowanie 12. Przewidywanie funkcji 13. Zintegrowanie podejście do przewidywania struktury, funkcji i interakcji 14. Modelowanie systemów 15. Egzamin
Wykaz literatury podstawowej i uzupełniającej, obowiązującej do zaliczenia danego modułu	Moduł ma charakter autorski, obowiązuje przede wszystkim materiał wyłożony, literatura ma charakter pomocniczy.