

<b>Nazwa modułu kształcenia</b>	<b>Bioinformatyka</b>		
<b>Nazwa jednostki prowadzącej moduł</b>	Instytut Informatyki, Wydział Matematyki i Informatyki		
<b>Kod modułu</b>	WMI.II-BIO-S		
<b>Język kształcenia</b>	Polski		
<b>Efekty kształcenia dla modułu kształcenia</b>	Symbol	Efekty kształcenia	Odniesienie do efektów kierunkowych
	E1	zna główne kierunki rozwoju bioinformatyki (genomika, proteomika, transkryptomika, metabolomika), jej najnowsze osiągnięcia oraz aktualne wyzwania	K_W+++,
	E2	rozumie problem zarządzania informacją biologiczną; zna i umie wykorzystać najważniejsze bioinformatyczne bazy danych; zna podstawowe formaty zapisu danych i potrafi tą wiedzę wykorzystać podczas implementacji własnych programów	K_W13+, K_U06++
	E3	zna i potrafi zaimplementować podstawowe algorytmy porównywania sekwencji	K_W07+, K_U07++
	E4	zna i rozumie zagadnienia związane ze składaniem odczytów sekwencji, analizą mikromacierzy, analizą filogenetyczną, przewidywaniem struktur, projektowaniem leków itp.	K_W05+, K_U06++
	E5	zna najważniejsze techniki uczenia maszynowego wykorzystywane w bioinformatyce; potrafi wskazać konkretne przykłady i zastosowania	K_W+++
	E6	potrafi zaproponować rozwiązanie dla prostego problemu bioinformatycznego	K_U03++
	E7	potrafi ustnie i pisemnie przedstawiać opracowanie rozwiązania prostego problemu	K_U020+, K_U021+
<b>Typ modułu kształcenia (obowiązkowy/fakultatywny)</b>	Fakultatywny dla studentów informatyki; Obowiązkowy dla specjalności Biomatematyka.		
<b>Rok studiów</b>	dowolny		
<b>Semestr</b>	zimowy		

<b>Imię i nazwisko osoby/osób prowadzących moduł</b>	dr Jacek Śmietański
<b>Imię i nazwisko osoby/osób egzaminującej/egzaminujących bądź udzielającej zaliczenia, w przypadku gdy nie jest to osoba prowadząca dany moduł</b>	dr Jacek Śmietański
<b>Sposób realizacji</b>	wykład, laboratorium
<b>Wymagania wstępne i dodatkowe</b>	-
<b>Liczba godzin zajęć dydaktycznych wymagających bezpośredniego udziału nauczyciela akademickiego i studentów, gdy w danym module przewidziane są takie zajęcia</b>	<b>60</b>
<b>Liczba punktów ECTS przypisana modułowi</b>	<b>6</b>
<b>Bilans punktów ECTS</b>	<p>Udział w wykładach - 30 godz.          Udział w zajęciach laboratoryjnych – 30 godz.          Samodzielna implementacja zadań programistycznych – 60 godz.          Przygotowanie do zajęć, samodzielne doskonalenie umiejętności korzystania z istniejących narzędzi bioinformatycznych (oprogramowanie, bazy danych itp.) – 30 godz.          Przygotowanie do egzaminu oraz obecność na egzaminie – 30 godz.          łączny nakład pracy studenta: 180 godzin , co odpowiada 6 punktom ECTS</p>
<b>Stosowane metody dydaktyczne</b>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Wykład ilustrowany prezentacją komputerową</li> <li>2. Ćwiczenia w laboratorium komputerowym, połączone z dyskusją przy tablicy</li> <li>3. Samodzielna implementacja zadań programistycznych</li> </ol>
<b>Metody sprawdzania i oceny</b>	Egzamin (E1- E7)

<p><b>efektów kształcenia uzyskanych przez studentów</b></p>	<p>Samodzielnie implementowane zadania programistyczne (E2, E3, E5, E6) Samodzielne rozwiązywanie zadań laboratoryjnych (E1, E4, E7)</p>
<p><b>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</b></p>	<p>Student otrzymuje określoną liczbę punktów z ćwiczeń na podstawie oceny systematycznie oddawanych programów zaliczeniowych, rozwiązań zadań laboratoryjnych oraz innej aktywności na zajęciach.</p> <p>Student otrzymuje ocenę końcową z modułu na podstawie łącznej sumy punktów przyznanych na ćwiczeniach oraz punktów uzyskanych podczas egzaminu pisemnego</p>
<p><b>Treści modułu kształcenia</b></p>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Wprowadzenie do bioinformatyki</li> <li>2. Bazy danych Dopasowanie par sekwencji (wprowadzenie, macierze kropkowe)</li> <li>3. Dopasowanie par sekwencji (globalne i lokalne)</li> <li>4. Dopasowania par sekwencji (metody heurystyczne); Dopasowania wielosekwencyjne (MSA);</li> <li>5. Motywy, wzorce, profile, sekwencje konsensusowe, Psi-Blast; Istotność statystyczna dopasowań</li> <li>6. Sekwencjonowanie DNA, składanie genów i genomów; Analiza danych z mikromacierzy</li> <li>7. Analizy filogenetyczne (poszukiwanie pokrewieństwa gatunków)</li> <li>8. Wprowadzenie do bioinformatyki strukturalnej</li> <li>9. Przewidywanie struktur przestrzennych</li> <li>10. Przewidywanie interakcji; dokowanie</li> <li>11. Metody uczenia maszynowego - wykorzystanie w problemach klasyfikacyjnych</li> <li>12. Metody uczenia maszynowego - wykorzystanie w zadaniach predykcji</li> <li>13. Modelowanie systemów interakcji</li> <li>14. Projektowanie leków i medycyna spersonalizowana.</li> <li>15. Obliczenia równoległe; wykorzystanie architektury GPU</li> </ol>
<p><b>Wykaz literatury podstawowej i uzupełniającej, obowiązującej do zaliczenia danego modułu</b></p>	<p>Moduł ma charakter autorski, obowiązuje przede wszystkim materiał wyłożony, literatura ma charakter pomocniczy. W języku polskim dostępne są następujące podręczniki:</p>

	<ol style="list-style-type: none"><li>1. Jin Xiong: Podstawy bioinformatyki (2011)</li><li>2. Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood: Bioinformatyka i ewolucja molekularna (2008)</li><li>3. A. D. Baxevanis, B. F. F. Ouellette: Bioinformatyka, podręcznik do analizy genów i białek (2005)</li></ol>
<b>Metody i kryteria oceniania</b>	Student jest oceniany na podstawie punktów uzyskiwanych z samodzielnie implementowanych programów, zadań wykonywanych na zajęciach oraz egzaminu. Skalę ocen ustala wykładowca.
<b>Wymiar, zasady i forma odbywania praktyk, w przypadku, gdy program kształcenia przewiduje praktyki</b>	Nie dotyczy