

KARTA OPISU MODUŁU KSZTAŁCENIA		
Nazwa modułu/przedmiotu Bioinformatyka		Kod 1010511361010518019
Kierunek studiów Informatyka	Profil kształcenia (ogólnoakademicki, praktyczny) ogólnoakademicki	Rok / Semestr 3 / 6
Ścieżka obieralności/specjalność -	Przedmiot oferowany w języku: polski	Kurs (obligatoryjny/obieralny) obieralny
Stopień studiów: I stopień	Forma studiów (stacjonarna/niestacjonarna) stacjonarna	
Godziny Wykłady: 30 Ćwiczenia: - Laboratoria: 30 Projekty/seminaria: -		Liczba punktów 4
Status przedmiotu w programie studiów (podstawowy, kierunkowy, inny) kierunkowy		(ogólnouczelniany, z innego kierunku) z danego kierunku
Obszar(y) kształcenia i dziedzina(y) nauki i sztuki nauki techniczne		Podział ECTS (liczba i %) 4 100%
Odpowiedzialny za przedmiot / wykładowca:		
<p>Prof. dr hab. inż. Jacek Błażewicz email: Jacek.Blażewicz@cs.put.poznan.pl tel. (0-61) 665-2901 Instytut Informatyki ul. Piotrowo 2, 60-965 Poznań</p>		
Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności, kompetencji społecznych:		
1	Wiedza:	Student rozpoczynający ten przedmiot powinien posiadać podstawową wiedzę z zakresu algorytmów i struktur danych, złożoności obliczeniowej oraz optymalizacji kombinatorycznej.
2	Umiejętności:	Powinien posiadać umiejętność rozwiązywania podstawowych problemów z zakresu optymalizacji kombinatorycznej oraz powinien potrafić tworzyć programy w języku C/C++, a także powinien posiadać umiejętność pozyskiwania informacji ze wskazanych źródeł.
3	Kompetencje społeczne	Powinien również rozumieć konieczność poszerzania swoich kompetencji i mieć gotowość do podjęcia współpracy w ramach zespołu. Ponadto, w zakresie kompetencji społecznych student musi prezentować takie postawy jak uczciwość, odpowiedzialność, wytrwałość, ciekawość poznawcza, kreatywność, kultura osobista, szacunek dla innych ludzi.
Cel przedmiotu:		
<p>1. Przekazanie studentom podstawowej wiedzy z bioinformatyki, przede wszystkim w zakresie zastosowania metod kombinatorycznych do rozwiązywania problemów biologicznych.</p> <p>2. Rozwijanie u studentów umiejętności rozwiązywania problemów pojawiających się na gruncie nauk biologicznych, głównie biologii molekularnej, za pomocą metod optymalizacji kombinatorycznej.</p> <p>3. Kształtowanie u studentów umiejętności pracy zespołowej poprzez pracę w grupach dwuosobowych nad rozwiązaniem postawionych problemów bioinformatycznych.</p>		
Efekty kształcenia i odniesienie do kierunkowych efektów kształcenia		
Wiedza:		
<p>1. ma wiedzę o trendach rozwojowych i najistotniejszych nowych osiągnięciach w bioinformatyce. - [K_W6]</p> <p>2. zna podstawowe metody, techniki i narzędzia stosowane przy rozwiązywaniu prostych zadań informatycznych z zakresu bioinformatyki. - [K_W8]</p>		
Umiejętności:		

1. Potrafi pozyskać informacje z literatury, baz danych oraz innych źródeł w celu utrwalenia i poszerzenia wiedzy z zakresu bioinformatyki. - [K_U1]
2. Potrafi przygotować w języku ojczystym dobrze udokumentowane opracowanie problemów i algorytmów z zakresu bioinformatyki. - [K_U3]
3. Potrafi planować i przeprowadzać eksperymenty obliczeniowe, interpretować uzyskane wyniki i wyciągać wnioski. - [K_U7]
4. Potrafi wykorzystać do formułowania i rozwiązywania zadań bioinformatycznych metody analityczne i eksperymentalne. - [K_U8]
5. Potrafi ocenić złożoność obliczeniową algorytmów i problemów z zakresu bioinformatyki. - [K_U13]
6. Potrafi ocenić architekturę oprogramowania stosowanego w bioinformatyce z punktu widzenia wymagań poza funkcjonalnych. - [K_U15]
7. Potrafi - zgodnie z zadaną specyfikacją - zaprojektować oraz zrealizować system informatyczny, używając właściwych bioinformatyce metod, technik i narzędzi. - [K_U21]
8. Ma umiejętność formułowania algorytmów i ich programowania z użyciem narzędzi wykorzystywanych w bioinformatyce. - [K_U22]

Kompetencje społeczne:

1. 1. Rozumie, że w bioinformatyce wiedza i umiejętności bardzo szybko stają się przestarzałe. - [K_K1]
2. 2. Zna przykłady i rozumie przyczyny wadliwie działających systemów bioinformatycznych. - [K_K4]

Sposoby sprawdzenia efektów kształcenia

Efekty kształcenia przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Ocena formująca:

- a) w zakresie wykładów:
 - na podstawie odpowiedzi na pytania dotyczące materiału omówionego na poprzednich wykładach;
- b) w zakresie ćwiczeń:
 - na podstawie oceny bieżącego postępu realizacji zadań,

Ocena podsumowująca:

Sprawdzanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

- ocenę przygotowania studenta do poszczególnych sesji zajęć laboratoryjnych oraz ocenę umiejętności związanych z realizacją ćwiczeń laboratoryjnych,
- ocenianie ciągle na zajęciach - dyskusja na temat opracowywanych przez studentów algorytmów,
- ocenę i "obronę" przez studenta sprawozdania z realizacji projektu,
- ocenę wiedzy i umiejętności nabytych w trakcie wykładów wykazanych w przygotowanym eseju na wybrany temat dotyczący bioinformatyki.

Uzyskiwanie punktów dodatkowych za aktywność podczas zajęć, a szczególnie za:

- omówienia dodatkowych aspektów zagadnienia,
- efektywność zastosowania zdobytej wiedzy podczas rozwiązywania zadanego problemu,
- umiejętność współpracy w ramach zespołu praktycznie realizującego zadanie szczegółowe w laboratorium,
- uwagi związane z udoskonaleniem materiałów dydaktycznych,
- wskazywanie trudności percepcyjnych studentów umożliwiające bieżące doskonalenia procesu dydaktycznego,
- ocenę dojrzałości i odpowiedzialności studentów przejawiającej się obecnością na zajęciach,
- ocenę umiejętności logicznego rozumowania oraz jasnego formułowania myśli w formie ustnej podczas omawiania w trakcie zajęć laboratoryjnych opracowywanych algorytmów oraz w formie pisemnej w ramach przygotowywanych na zakończenie realizacji projektów sprawozdań.

Treści programowe

W ramach wykładu studenci poznają podstawowe zagadnienia bioinformatyki pojawiające się we współcześnie prowadzonych badaniach naukowych na gruncie tej dziedziny oraz metody ich rozwiązywania. Podczas kilku początkowych wykładów przedstawiane są podstawowe pojęcia i zagadnienia z zakresu biologii molekularnej niezbędne do zrozumienia omawianych w dalszej kolejności zagadnień bioinformatycznych. Dalej przedstawiane są zagadnienia związane z odczytywaniem sekwencji genomowych, tj. problemy i algorytmy sekwencjonowania, asemblacji i mapowania DNA. Są to procedury wstępne i niezbędne wielu badań biologicznych i bioinformatycznych, po których w następnych etapach wykonywana jest analiza informacji zawartej w odczytanych sekwencjach DNA. Metody takiej analizy przedstawiane są podczas kolejnych wykładów. Należą do nich m. in. algorytmy dopasowania (globalnego i lokalnego) sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych oraz metody konstrukcji drzew filogenetycznych. Ponadto omawiane są zagadnienia znajdowania motywów w sekwencjach kwasów nukleinowych i białkowych.

W trakcie zajęć laboratoryjnych studenci rozwiązują w sposób teoretyczny oraz praktyczny problemy natury bioinformatycznej. Dla każdego z takich problemów, mających swoje źródło w naukach biologicznych, a przede wszystkim w biologii molekularnej, należy zaprojektować autorski algorytm, zaimplementować go oraz sprawdzić w serii testów na danych pochodzących m.in. z rzeczywistych eksperymentów biologicznych. Problemy te, sformułowane na gruncie kombinatorycznym, należą zazwyczaj 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 zadań 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:

1. Wykład ilustrowany prezentacją multimedialną zawierającą omawiane treści programowe wzbogacone przykładami.
2. Ćwiczenia laboratoryjne rozwijające umiejętność rozwiązywania otwartych problemów bioinformatycznych poprzez zaprojektowanie odpowiednich algorytmów, ich implementację, przetestowanie w eksperymencie obliczeniowym, wypracowanie wniosków oraz opisanie zaproponowanej metody i uzyskanych wyników w sprawozdaniu.

Literatura podstawowa:

1. P.G.Higgs, T.K.Atwood. Bioinformatyka I ewolucja molekularna. PWN. Warszawa. 2012.
2. J.Xiong. Podstawy bioinformatyki. Wyd. Uniwersytetu Warszawskiego. Warszawa. 2009.
3. P. A. Pevzner. Computational Molecular Biology: an Algorithmic Approach, MIT Press. Cambridge, MA, 2000.
4. J. Setubal, J. Meidanis. Introduction to Computational Molecular Biology. PWS Publishing Company, Boston, MA, 1997.
5. M. S. Waterman. Introduction to Computational Biology. Maps, Sequences, and Genomes. Chapman & Hall, London, 1995.

Literatura uzupełniająca:

1. C. T.H. Cormen, Ch.E. Leiserson, R.L. Rivest. Wprowadzenie do algorytmów, , PWN, Warszawa, 2012.

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

Czynność	Czas (godz.)	
1. Udział w zajęciach laboratoryjnych:	30	
2. Przygotowanie do ćwiczeń laboratoryjnych:	15	
3. Udział w konsultacjach związanych z realizacją procesu kształcenia, w szczególności ćwiczeń laboratoryjnych / projektu	2	
4. Zaprojektowanie algorytmów (czas poza zajęciami laboratoryjnymi)	5	
5. Implementacja algorytmów, uruchomienie i weryfikacja programów oraz przeprowadzenie eksperymentów obliczeniowych (czas poza zajęciami laboratoryjnymi)	5	
6. Przygotowanie (w ramach pracy własnej) sprawozdań z ćwiczeń laboratoryjnych.	30	
7. Udział w wykładach	10	
8. Zapoznanie się ze wskazaną literaturą / materiałami dydaktycznymi (10 stron tekstu naukowego = 1 godz.), 100 stron	8	
9. Przygotowanie do zaliczenia wykładów i napisanie eseju zaliczeniowego		
Obciążenie pracą studenta		
forma aktywności	godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	110	4
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	62	2
Zajęcia o charakterze praktycznym	55	2