



1. Student rozumie, że w bioinformatyce wiedza i umiejętności mogą bardzo szybko stać się przestarzałe - [K1st\_K1]
2. Student ma świadomość znaczenia wiedzy informatycznej w rozwiązywaniu problemów biologicznych - [K1st\_K2]

### Sposoby sprawdzenia efektów kształcenia

Ocena formująca:

a) w zakresie laboratoriów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

- ocenę bieżącego postępu realizacji zadań

Ocena podsumowująca:

a) w zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

- ocenę stopnia przyswojenia wiedzy prezentowanej na wykładach, wykazanej w przygotowanym eseju na wybrany temat z obszaru bioinformatyki

b) w zakresie laboratoriów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

- ocenę i "obronę" zrealizowanego ćwiczenia oraz ocenę sprawozdania

Aktywność podczas zajęć jest premiowana, w szczególności brane pod uwagę są:

- omówienie dodatkowych aspektów zagadnienia,
- efektywność zastosowania zdobytej wiedzy podczas rozwiązywania zadanych problemów,
- terminowa realizacja ćwiczeń laboratoryjnych,
- systematyczne uczestnictwo w wykładach.

### Treści programowe

W ramach wykładu studenci poznają podstawowe problemy pojawiające się we współcześnie prowadzonych badaniach na gruncie nauk biologicznych oraz metody ich algorytmicznego rozwiązania. Pierwsza część wykładów poświęcona jest pojęciom i zagadnieniom z zakresu pozyskiwania informacji o strukturze pierwszorzędowej DNA, tj. sekwencji nukleotydów, oraz sposobom jej przetwarzania. Druga część wykładów poświęcona jest analizie bardziej złożonych struktur i systemów biologicznych. Omawiane są m.in. problemy kombinatoryczne pojawiające się przy analizie widm pochodzących ze spektrometrów masowych, związane z analizą łańcuchów peptydowych oraz mniejszych cząsteczek. Przedstawiane są sposoby modelowania i analizy złożonych systemów biologicznych za pomocą metod opartych na sieciach, w szczególności na sieciach Petriego. Ponadto zaprezentowana jest idea tzw. komputerów DNA, polegająca na wykorzystaniu cząsteczek DNA do wykonywania obliczeń.

Kolejne wykłady dedykowane są następującej tematyce.

- Wykład 1: wprowadzenie
- Wykład 2: sekwencjonowanie cz. 1
- Wykład 3: sekwencjonowanie cz. 2
- Wykład 4: sekwencjonowanie cz. 3
- Wykład 5: dopasowanie sekwencji
- Wykład 6: poszukiwanie motywów
- Wykład 7: asemlacja
- Wykład 8: mapowanie
- Wykład 9: drzewa filogenetyczne
- Wykład 10: spektrometria
- Wykład 11: struktury przestrzenne
- Wykład 12: złożone systemy biologiczne cz. 1
- Wykład 13: złożone systemy biologiczne cz. 2
- Wykład 14: komputery DNA

W trakcie zajęć laboratoryjnych studenci rozwiązują w sposób teoretyczny i praktyczny problemy natury bioinformatycznej. Projektują i implementują autorskie algorytmy oraz sprawdzają ich działanie w serii testów na danych pochodzących m.in. z rzeczywistych eksperymentów biologicznych. Problemy te, sformułowane na gruncie kombinatorycznym, należą 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 ćwiczenia 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:

- Wykład: prezentacja ilustrowana przykładami podawanymi na tablicy, rozwiązywanie zadań.
- Ćwiczenia laboratoryjne: projektowanie i implementacja algorytmów, wykonywanie eksperymentów obliczeniowych, dyskusja.

<b>Literatura podstawowa:</b>		
1. Podstawy bioinformatyki, Jin Xiong, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa, 2011		
2. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2012		
3. Wybrane algorytmy i modele grafowe w bioinformatyce, Marta Kasprzak, Wydawnictwo Politechniki Poznańskiej, Poznań, 2013		
<b>Literatura uzupełniająca:</b>		
1. Computational Molecular Biology: an Algorithmic Approach, Pavel A. Pevzner, MIT Press, Cambridge, MA, 2000		
2. Systems Biology: a Textbook, Edda Klipp, Wolfram Liebermeister, Christoph Wierling, Axel Kowald, Wiley, 2016		
3. Analysis of Biological Networks, Björn H. Junker, Falk Schreiber (Eds.), Wiley-Interscience 2008		
4. Modeling in Systems Biology. The Petri Net Approach, Ina Koch, Wolfgang Reisig, Falk Schreiber (Eds.), Springer, 2011		
5. Introduction to the Modeling and Analysis of Complex Systems, Hiroki Sayama, Open SUNY Textbooks, 2015		
6. Hemojuvelin-hepcidine axis modeled and analyzed using Petri nets, Dorota Formanowicz, Adam Kozak, Tomasz Głowacki, Marcin Radom, Piotr Formanowicz, Journal of Biomedical Informatics, 2013, 46, 1030-1043		
7. DNA computing, Piotr Formanowicz, Computational Methods in Science and Technology, 2005, 11, 11-20		
<b>Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta</b>		
<b>Czynność</b>	<b>Czas (godz.)</b>	
1. Udział w wykładach	30	
2. Udział w zajęciach laboratoryjnych	30	
3. Zaprojektowanie algorytmów (czas poza zajęciami laboratoryjnymi)	10	
4. Implementacja algorytmów, weryfikacja programów oraz przeprowadzenie eksperymentów obliczeniowych (czas poza zajęciami laboratoryjnymi)	15	
5. Przygotowanie (w ramach pracy własnej) sprawozdań z ćwiczeń laboratoryjnych	2	
6. Udział w konsultacjach związanych z realizacją procesu kształcenia, w szczególności ćwiczeń laboratoryjnych	8	
7. Napisanie eseju zaliczeniowego z wykładów		
<b>Obciążenie pracą studenta</b>		
<b>forma aktywności</b>	<b>godzin</b>	<b>ECTS</b>
Łączny nakład pracy	100	4
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	62	2
Zajęcia o charakterze praktycznym	60	2