



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Algorytmy kombinatoryczne w bioinformatyce [S1Bioinf1>ALKOM]

Przedmiot

Kierunek studiów
Bioinformatyka

Rok/Semestr
2/3

Studia w zakresie (specjalność)
–

Profil studiów
ogólnoakademicki

Poziom studiów
pierwszego stopnia

Język oferowanego przedmiotu
polski

Forma studiów
stacjonarne

Wymagalność
obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład
15

Laboratorium
30

Inne (np. online)
0

Ćwiczenia
0

Projekty/seminaria
0

Liczba punktów ECTS

4,00

Koordynatorzy

prof. dr hab. inż. Marta Kasprzak
marta.kasprzak@put.poznan.pl

Wykładowcy

Wymagania wstępne

Student rozpoczynający ten przedmiot powinien mieć opanowane zagadnienia (w sensie wiedzy i umiejętności) z zakresu przedmiotów Algorytmy i struktury danych, Podstawy programowania, Programowanie obiektowe.

Cel przedmiotu

Zapoznanie studentów z wybranymi problemami i algorytmami kombinatorycznymi stosowanymi w bioinformatyce. Wykształcenie u studentów umiejętności postrzegania problemu biologicznego w kategoriach algorytmicznych. Kształtowanie u studentów umiejętności doboru podejścia algorytmicznego właściwego do rozwiązania danego problemu biologicznego.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

1. Student ma wiedzę z zakresu matematyki dyskretnej i optymalizacji kombinatorycznej przydatną do formułowania i rozwiązywania prostych zadań bioinformatycznych.
2. Student ma uporządkowaną, podbudowaną teorią wiedzę w zakresie modelowania problemów biologicznych na gruncie kombinatorycznym.

3. Student zna podstawowe metody, techniki i narzędzia informatyczne stosowane przy rozwiązywaniu prostych zadań bioinformatycznych z zakresu analizy sekwencji biologicznych.

Umiejętności:

1. Student integruje i interpretuje uzyskane informacje, a także wyciąga wnioski oraz formułuje i uzasadnia swoje opinie w ramach rozwiązywania zadań laboratoryjnych.
2. Student wykonuje proste eksperymenty obliczeniowe, potrafi zinterpretować ich wyniki.
3. Student stosuje podstawowe techniki i narzędzia informatyczne do rozwiązywania problemów biologicznych, potrafi ocenić ich przydatność.
4. Student projektuje i tworzy oprogramowanie komputerowe zgodnie z zadaną specyfikacją, używając właściwych metod, technik i narzędzi.

Kompetencje społeczne:

1. Student prawidłowo identyfikuje i rozstrzyga dylematy etyczne związane z wykonywaniem zawodu, w zakresie przestrzegania zasad właściwego korzystania z wyników cudzej pracy.
2. Student ma świadomość odpowiedzialności za podejmowane decyzje, ponieważ opóźnienie w realizacji zadań laboratoryjnych lub niewłaściwe korzystanie z wyników cudzej pracy ma znaczący wpływ na zaliczenie przedmiotu.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

W zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów uczenia się realizowane jest przez ocenę stopnia przyswojenia wiedzy prezentowanej na wykładach poprzez sprawdzian pisemny. Na każdy z pierwszych siedmiu wykładów przypada jedno pytanie (zadanie) i odpowiedź na nie oceniana jest w skali 0–2 pkt. (z krokiem 0,5); ocenę pozytywną za całość można uzyskać po przekroczeniu połowy maksymalnej sumarycznej liczby punktów. Premiowane jest systematyczne uczestnictwo w wykładach. W zakresie zajęć laboratoryjnych weryfikowanie założonych efektów uczenia się realizowane jest przez ocenę bieżącego postępu realizacji zadań, ocenę i obronę zrealizowanych zadań oraz ocenę sprawozdań. Na ocenę wpływa terminowa realizacja zadania. Ocena podsumowująca jest średnią arytmetyczną z czterech ocen wystawionych za cztery zrealizowane zadania; wszystkie zadania należy mieć zaliczone pozytywnie w celu uzyskania pozytywnej oceny końcowej.

Treści programowe

Program przedmiotu obejmuje następujące treści odnoszące się do problemów związanych z poznawaniem i analizą pierwszorzędowej struktury DNA.

- Modelowanie problemów biologicznych za pomocą znanych problemów kombinatorycznych
- Grafy jako struktury danych powszechnie używane do kodowania instancji problemów bioinformatycznych
- Obecność błędów eksperymentalnych w instancji a złożoność obliczeniowa problemu dla wybranych przykładów
- Przykłady zastosowania znanych algorytmów kombinatorycznych do rozwiązania problemów biologicznych
- Przykłady nowych algorytmów dedykowanych problemom biologicznym, opartych na strukturach grafowych
- Operacje na sekwencjach znaków i algorytmy dla tych struktur

Tematyka zajęć

Kolejne wykłady dedykowane są następującej tematyce.

- Wykład 1: wprowadzenie
- Wykład 2: sekwencjonowanie cz. 1
- Wykład 3: sekwencjonowanie cz. 2
- Wykład 4: dopasowanie sekwencji, poszukiwanie motywów
- Wykład 5: asemblacja
- Wykład 6: mapowanie
- Wykład 7: drzewa filogenetyczne
- Wykład 8: podsumowanie

Zajęcia laboratoryjne prowadzone są w formie piętnastu dwugodzinnych zajęć odbywających się w

laboratorium komputerowym. Na pierwszych zajęciach studenci zapoznawani są z zasadami użytkowania laboratorium i zaliczania zadań. Na zajęciach laboratoryjnych studenci stosują w praktyce wiedzę zdobytą na wykładach, konstruując algorytmy rozwiązujące problemy bioinformatyczne. Każdy student pracuje indywidualnie.

Metody dydaktyczne

Wykład: prezentacja ilustrowana przykładami podawanymi na tablicy, rozwiązywanie zadań. Zajęcia laboratoryjne: implementacja algorytmów, wykonywanie eksperymentów obliczeniowych, dyskusja.

Literatura

Podstawowa

1. Wybrane algorytmy i modele grafowe w bioinformatyce, Marta Kasprzak, Wydawnictwo Politechniki Poznańskiej, Poznań, 2013.

Uzupełniająca

1. Introduction to Computational Biology. Maps, Sequences, and Genomes, Michael S. Waterman, Chapman & Hall, London, 1995.

2. Introduction to Computational Molecular Biology, Joao Setubal, Joao Meidanis, PWS Publishing Company, Boston, MA, 1997.

3. Computational Molecular Biology: an Algorithmic Approach, Pavel A. Pevzner, MIT Press, Cambridge, MA, 2000.

4. Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology, Dan Gusfield, Cambridge University Press, Cambridge, MA, 1997.

5. Graphs and Hypergraphs, Claude Berge, North-Holland Publishing Company, London, 1973.

6. Combinatorial Optimization: Networks and Matroids, Eugene L. Lawler, Holt, Rinehart and Winston, New York, 1976.

7. Combinatorial Optimization: Algorithms and Complexity, Christos H. Papadimitriou, Kenneth Steiglitz, Prentice Hall, Englewood Cliffs, 1982.

8. Computers and Intractability. A Guide to the Theory of NP-Completeness, Michael R. Garey, David S. Johnson, W.H. Freeman & Co., San Francisco, 1979.

9. Złożoność obliczeniowa problemów kombinatorycznych, Jacek Błazewicz, WNT, Warszawa, 1988.

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	100	4,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	45	2,00
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwium/egzaminu, wykonanie projektu)	55	2,00