

(pieczęć wydziału)

KARTA PRZEDMIOTU

--	--	--

1. Nazwa przedmiotu: Metody obliczeniowe w genomice		2. Kod przedmiotu: MOGen		
3. Karta przedmiotu ważna od roku akademickiego: 2017/2018				
4. Forma kształcenia: studia doktoranckie				
5. Forma studiów: studia stacjonarne/ niestacjonarne				
6. Kierunek studiów: BIOCYBERNETYKA I INŻYNIERIA BIOMEDYCZNA;				
7. Profil studiów: akademicki				
8. Specjalność:				
9. Semestr:				
10. Jednostka prowadząca przedmiot: Instytut Informatyki, RAu2				
11. Prowadzący przedmiot: dr inż. Agnieszka Danek				
12. Przynależność do grupy przedmiotów: przedmioty fakultatywne				
13. Status przedmiotu:				
14. Język prowadzenia zajęć: polski/angielski				
15. Przedmioty wprowadzające oraz wymagania wstępne: Bioinformatyka. Znajomość podstawowych zagadnień oraz terminologii z zakresu bioinformatyki.				
16. Cel przedmiotu: Celem przedmiotu jest zrozumienie metodologii tworzenia narzędzi oraz serwisów porównawczej analizy sekwencji biologicznych jak również poznanie ich zalet oraz ograniczeń. Studenci zostaną przygotowani do samodzielnego tworzenia procedur analizy danych oraz wykorzystania narzędzi bioinformatycznych do rozwiązywania problemów badawczych z dziedziny genomiki.				
17. Efekty kształcenia:				
Nr	Opis efektu kształcenia	Metoda sprawdzenia efektu kształcenia	Forma prowadzenia zajęć	Odniesienie do efektów dla kierunku studiów
W1	Ma wiedzę dotyczącą najważniejszych problemów bioinformatycznych oraz metodologii ich rozwiązywania		WT, WM	RAU_B_W03 RAU_B_W01
W2	Zna zaawansowane narzędzia i serwisy analizy porównawczej sekwencji biologicznych		WT, WM	RAU_B_W05 RAU_B_W04
W3	Ma wiedzę dotyczącą technologii zarządzania danymi biologicznymi oraz oprogramowaniem bioinformatycznym		WT, WM	RAU_B_W06
W4	Zna techniki projektowania narzędzi bioinformatycznych		WT, WM	RAU_B_W05 RAU_B_W06
U1	Potrafi sformułować problemy badawcze oraz tworzyć zaawansowane procedury analizy danych		WT, WM	RAU_B_U01 RAU_B_U08
U2	Posiada umiejętność wyszukiwania, przetwarzania oraz selekcionowania informacji z różnych źródeł		WT, WM	RAU_B_U04 RAU_B_U10
U3	Posiada umiejętność analizy oraz interpretacji otrzymywanych wyników badań		WT, WM	RAU_B_U08
U4	Posiada umiejętność projektowania algorytmów służących rozwiązaniu określonych problemów badawczych w genomice		WT, WM	RAU_B_U12 RAU_B_U13
K1	Potrafi pracować i komunikować się w zespole		WT, WM	RAU_B_K01

				RAU_B_K03 RAU_B_K04
K2	Rozumie potrzebę aktualizacji wiedzy dotyczącej metod i narzędzi badawczych oraz wykorzystywania jej w działalności naukowej		WT, WM	RAU_B_K02
18. Formy zajęć dydaktycznych i ich wymiar (liczba godzin) W. : 10				
19. Treści kształcenia: Wykład Wprowadzenie do przedmiotu: podstawowe pojęcia. Metody oraz narzędzia modyfikacji sekwencji genomowych. Wyszukiwanie otwartych ramek odczytu, ORF. Metody badania podobieństwa oraz wzajemnego dopasowania sekwencji biologicznych. Algorytmy dopasowania dwóch sekwencji. Przeszukiwanie baz danych sekwencji biologicznych. Algorytmy BLAST oraz FASTA. Ocena jakości dopasowania. Metody dopasowania wielu sekwencji biologicznych. Zasada działania programu Clustal. Edycja wzajemnego dopasowania wielu sekwencji DNA. Analiza filogenetyczna. Podstawowe pojęcia, topologia drzew filogenetycznych. Metody konstruowania molekularnych drzew filogenetycznych, algorytm średnich połączeń UPGMA, metoda najbliższego sąsiedztwa, metoda bootstrap. Narzędzia do asemblacji sekwencji DNA. Metody składania pełnych sekwencji genomowych z krótkich odczytów. Mapowanie krótkich odczytów sekwencji do genomu referencyjnego. Struktura drugorzędowa RNA. Podstawowe pojęcia, formy prezentacji struktury drugorzędowej. Metody przewidywania struktury drugorzędowej RNA. Algorytm Nussinova optymalizacji ilości par zasad. Algorytm Zukera optymalizacji energii swobodnej struktury RNA. Wyszukiwanie charakterystycznych motywów w sekwencjach biologicznych. Metody opisu i prezentacji motywów. Zasada działania programów do wyszukiwania charakterystycznych motywów w sekwencjach DNA. Projekt 1000 genomów. Założenia oraz obecny status projektu. Formaty przechowywania danych. Metody dostępu do danych z projektu 1000 genomów. Narzędzia analizy oraz przetwarzania danych z projektu.				
20. Egzamin: nie Zaliczenie na podstawie dyskusji w trakcie wykładów oraz opcjonalnie na podstawie przedłożonego przez studenta opracowania pisemnego wybranego zagadnienia.				
21. Literatura podstawowa: 1. A. D. Baxevanis, B. F. F. Ouellette. Bioinformatyka: podręcznik do analizy genów i białek. PWN, 2005. 2. Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN, 2008. 3. R. C. Deonier, S. Tavaré, and M. S. Waterman. Computational Genome Analysis: An Introduction. Springer, 2005. 4. C. Gibas, and P. Jambeck. Developing Bioinformatics Computer Skills. O'Reilly Media, 2001.				
22. Literatura uzupełniająca: 1. H.-J. Bockenhauer, D. Bongartz. Algorithmic Aspects of Bioinformatics. Springer, 2007. 2. D. W. Mount. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Press, 2001. 3. A. Polanski, and M. Kimmel. Bioinformatics. Springer, 2007. 4. D. Gusfield. Algorithms on Strings, Trees, and Sequences. Cambridge University Press, 1997.				

23. Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia efektów kształcenia		
Lp.	Forma zajęć	Liczba godzin kontaktowych / pracy studenta
1	Wykład	10/5
2	Ćwiczenia	0/0
3	Laboratorium	0/0
4	Projekt	0/0
5	Seminarium	0/0
6	Inne konsultacje	5/5
	Suma godzin	15/10
24. Suma wszystkich godzin: 25		
25. Liczba punktów ECTS: 1		
26. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego: 1		
27. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach o charakterze praktycznym (laboratoria, projekty): 0		
26. Uwagi: Efekty kształcenia w zakresie wiedzy weryfikowane są na bieżąco w trakcie wykładów, natomiast umiejętności podlegają weryfikacji poprzez formułowanie i rozwiązywanie zadań praktycznych. Efekty kształcenia w zakresie kompetencji społecznych sprawdzane są w trakcie pracy zespołowej nad przykładowymi problemami badawczymi oraz przy opracowywaniu i prezentacji raportów końcowych.		

Zatwierdzono:

.....
 (data i podpis kierownika studiów doktoranckich)

INFORMACJE DODATKOWE

Tabela pkt. 17

Przykładowe, **ogólne** kompetencje społeczne zgodne z Rozporządzeniem MNiSW:

T1A_K01	rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie; potrafi inspirować i organizować proces uczenia się innych osób
T1A_K02	ma świadomość ważności i rozumie pozatechniczne aspekty i skutków działalności inżynierskiej, w tym jej wpływu na środowisko, i związanej z tym odpowiedzialności za podejmowane decyzje
T1A_K03	potrafi współdziałać i pracować w grupie, przyjmując w niej różne role
T1A_K04	potrafi odpowiednio określić priorytety służące realizacji określonego przez siebie lub innych zadania
T1A_K05	prawidłowo identyfikuje i rozstrzyga dylematy związane z wykonywaniem zawodu
T1A_K06	potrafi myśleć i działać w sposób przedsiębiorczy
T1A_K07	ma świadomość roli społecznej absolwenta uczelni technicznej, a zwłaszcza rozumie potrzebę formułowania i przekazywania społeczeństwu, w szczególności poprzez środki masowego przekazu, informacji i opinii dotyczących osiągnięć techniki i innych aspektów działalności inżynierskiej; podejmuje starania, aby przekazać takie informacje i opinie w sposób powszechnie zrozumiały

Tabela pkt. 17

Metoda sprawdzenia efektu kształcenia

Egzamin pisemny:	EP	
Egzamin ustny:		EU
Sprawdzian pisemny (przed ćwic. lab., po zakończeniu partii materiału, itp.):		SP
Wykonanie ćwiczenia laboratoryjnego:	CL	
Realizacja projektu:	RP	
Przygotowanie sprawozdania (z laboratorium/ projektu):		PS
Obrona projektu/sprawozdania:		OP/OS

Formy prowadzenia zajęć:

Wykład tradycyjny:	WT
Wykład multimedialny:	WM
Ćwiczenia tablicowe:	C
Laboratorium;	L
Projekt:	P
Seminarium:	S

Tabela pkt. 23

Bilans nakładu pracy studenta

Godziny kontaktowe

- Uczestnictwo w wykładach – wg siatki godzin
- Uczestnictwo w ćwiczeniach – wg siatki godzin
- Uczestnictwo w zajęciach projektowych – wg siatki godzin
- Uczestnictwo w zajęciach laboratoryjnych – wg siatki godzin
- Uczestnictwo w zajęciach seminaryjnych – wg siatki godzin
- Uczestnictwo w konsultacjach poza zajęciami – wg uznania prowadzącego – pozycja inne
- Obrona sprawozdania laboratorium, projektu, itp. – wg uznania prowadzącego – pozycja inne

Godziny samodzielnej pracy – wg uznania prowadzącego – suma nie może przekroczyć liczby godz. kontaktowych

Przygotowanie własne studenta do wykładu

Przygotowanie własne studenta do ćwiczeń

Przygotowanie własne studenta do laboratorium (w tym przygotowanie sprawozdania)

Przygotowanie własne studenta do projektu (w tym przygotowanie sprawozdania)

Przygotowanie własne studenta do seminarium

Przygotowanie własne studenta do egzaminu, kolokwium, sprawdzianu, itp. – *pozycja inne*

Uczestnictwo w sprawdzeniu wiadomości (egzamin, kolokwium, itp.) – *pozycja inne*