

--	--	--

1. Nazwa przedmiotu: Bioinformatyka		2. Kod przedmiotu: Bioinf		
3. Karta przedmiotu ważna od roku akademickiego: 2017/2018				
4. Forma kształcenia: studia doktoranckie				
5. Forma studiów: studia stacjonarne/niestacjonarne				
6. Kierunek studiów: INFORMATYKA				
7. Profil studiów: akademicki				
8. Specjalność:				
9. Semestr:				
10. Jednostka prowadząca przedmiot: Instytut Informatyki, Wydział AEiI				
11. Prowadzący przedmiot: prof. dr hab. inż. Andrzej Polanski				
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 „bioinformatyka” jest zaznajomienie studentów z zagadnieniami związanymi zastosowaniami metod matematycznych, informatycznych i statystycznych dla różnorodnych zagadnień związanych opracowywaniem wyników eksperymentów biologii molekularnej. Program pokrywa najnowsze techniki eksperymentalne, sekwencjonowanie genomu, techniki proteomiczne oraz transkryptomiczne.				
17. Efekty kształcenia:¹				
Nr	Opis efektu kształcenia	Metoda sprawdzenia efektu kształcenia	Forma prowadzenia zajęć	Odniesienie do efektów dla kierunku studiów
W1	Ma wiedzę dotyczącą bioinformatyki i jej zastosowań		WT, WM	RAU_I_W01
W2	Posiada orientację w serwisach bioinformatycznych		WT, WM	RAU_I_W04
W3	Zna techniki projektowania narzędzi bioinformatycznych		WT, WM	RAU_I_W06
U1	Potrafi samodzielnie konstruować algorytmy przetwarzania danych bioinformatycznych		WT, WM	RAU_I_U01
U2	Posiada umiejętność wyszukiwania, przetwarzania oraz selekcjonowania informacji z różnych źródeł		WT, WM	RAU_I_U02
U3	Posiada umiejętność analizy oraz interpretacji otrzymywanych wyników badań		WT, WM	RAU_I_U06
U4	Rozumie strukturę modeli matematycznych stosowanych w opisie ewolucji DNA		WT, WM	RAU_I_U04
K1	Potrafi pracować i komunikować się w zespole		WT, WM	RAU_I_K01
K2	Rozumie potrzebę aktualizacji wiedzy dotyczącej metod i narzędzi badawczych w bioinformatyce		WT, WM	RAU_I_K02
18. Formy zajęć dydaktycznych i ich wymiar (liczba godzin) W. : 10 L.: 0				
19. Treści kształcenia:				

¹ należy wskazać ok. 5 – 8 efektów kształcenia

Wykład

Bioinformatyka w genomice. Struktura DNA. Model Watsona Cricka. Mechanizmy replikacji i transkrypcji. Sekwencjonowanie genomu. Kojarzenie sekwencji. Annotacja sekwencji DNA. Genomowe bazy danych. Metodologia prezentacji struktur DNA.

Bioinformatyka w proteomice. Struktura i funkcje białek. Metody separacji, detekcji i identyfikacji białek. Profile ekspresji białek. Struktura drugo i trzeciorzędowa białek. Proteomowe bazy danych. Modelowanie i przewidywanie struktur drugo i trzeciorzędowych peptydów i białek.

Bioinformatyka w transkryptomice. Struktura pierwszo i drugorzędowa kwasu RNA. Funkcje RNA. Bazy danych RNA. Prezentacja modelowanie i przewidywanie struktur drugo i trzeciorzędowych RNA.

Modele matematyczne. Pojęcie modelu matematycznego. Modele statyczne i dynamiczne. Parametry modeli. Zadania estymacji i identyfikacji parametrów modeli. Maksymalizacja wiarygodności. Algorytm EM i jego zastosowania. Łańcuchy Markowa. Ukryte Łańcuchy Markowa i algorytm Vitterbiego. Algorytm Bauma Welscha. Metody MCMC, algorytm Metropolis - Hastingsa. Programowanie dynamiczne. Sieci Boolowskie, sieci Bayesowskie, stochastyczne sieci Boolowskie.

Metody bioinformatyczne ewolucji. Odtwarzanie drzew filogenetycznych. Klasyczne metody oceny topologii i metryki drzew. Algorytm Felsensteina - Churchila. Teoria koalescencji. Sieci genowe i ścieżki sygnałowe. Kinetyka reakcji biochemicznych. Reakcje katalizowane przez enzymy, reakcje ligand – receptor. Cykle metaboliczne. Modelowanie sieci genowych i ścieżek sygnałowych. Ontologie. Sieć Gene Ontology. Wykorzystanie wiedzy o aspektach funkcjonalnych genów w interpretacji wyników eksperymentów.

Bioinformatyczne bazy danych i serwisy internetowe. Bazy danych sekwencji nukleotydowych. Bazy danych sekwencji białkowych. Bazy danych struktur białek. Wizualizacja struktur białkowych. Anotacje genów i białek.

1.

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

28. 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)