

KARTA PRZEDMIOTU

Nazwa przedmiotu: Wybrane systemy programowania (BioAu>SM1WSP20)

Nazwa w języku polskim:

Nazwa w jęz. angielskim: Selected Programming Systems

Dane dotyczące przedmiotu:

Jednostka oferująca przedmiot: Wydział Automatyki, Elektroniki i Informatyki

Przedmiot dla jednostki: Politechnika Śląska

Domyślny typ protokołu dla przedmiotu:

ZAL

Język wykładowy:

polski

Strona WWW:

<https://platforma2.polsl.pl/rau1/course/view.php?id=132>

Skrócony opis:

Celem wykładu jest przedstawienie wybranych systemów oprogramowania mających zastosowanie w zaawansowanej analizie danych stosowanej w biotechnologii. Celem laboratorium jest nabycie przez studenta umiejętności doboru odpowiednich narzędzi programowych oraz samodzielnego napisania programu do analizy złożonych danych np. pochodzących z mikromacierzy DNA.

Opis:

Liczba punktów ECTS: 3

Suma godzin: 75h (kontaktowa 45h / praca własna 30h)

Wykład - 30,

Laboratorium 15

Praca własna studenta: przygotowanie do zajęć, zapoznanie się z literaturą

Wykład

Oprogramowanie zorientowane obiektowo dla zastosowań w bioinformatyce. Tworzenie funkcji generycznych, polimorfizm oraz dziedziczenie. Normalizacja, sumaryzacja, klasteryzacja danych uzyskanych z mikromacierzy. Programowanie w języku R oraz wykorzystanie bibliotek środowiska Bioconductor. Wykorzystanie Systems Biology Markup Language dla modelowania systemów biologicznych.

W ramach przedmiotu omawiane są zasady oprogramowania zorientowanego obiektowo, klasy, ukrywanie implementacji, hermetyzacja, polimorfizm, dziedziczenie. Omówione są przykłady dla języka C++ i Matlab.

Podstawy środowiska R, struktura obiektów, pamięć wirtualna, środowiska oraz domykanie, utrzymywanie danych w przestrzeni roboczej, funkcje operujące na wektorach oraz struktury i instrukcje sterujące oraz tworzenie własnych funkcji. Omawiane są typy zmiennych atomowych oraz listy, tablice, ramki oraz metody rzutowania typów.

Przedstawiane są sposoby nadawania i odczytywania atrybutów, atrybuty specjalne oraz wykonywanie operacji na atrybutach oraz czynniki. Rola mechanizmów zorientowanych obiektowo, wykorzystanie obiektów typu S3, tworzenie funkcji generycznej, ekspediowanie metod oraz ich przeciążanie. Wykorzystanie operacji grupowych, grupowe manipulowanie danymi.

Omawiany jest mechanizm klas formalnych S4 oraz jego możliwości tworzenia nowych klas, relacji między nimi oraz metod umożliwiających generowanie funkcji polimorficznych, podpisy klasy oraz gniazda, mechanizmy dziedziczenia oraz przeciążania metod. Dla opracowywania danych uzyskanych z mikromacierzy wykonanych w technologii AffyMetrix omawiane są biblioteki dostępne w ramach środowiska R, a w szczególności: klasy `marrayRaw`, `AffyBatch`, `ExprSet` oraz metody korekcji tła, normalizacji, korekcji i sumaryzacji, metody MAS 5.0, RMA, GCRMA, vsn, normalizacja kwantylowa, sumaryzacja `expresso`, personalizowanie metod korekcji oraz klasteryzacja.

Przedstawiane są biblioteki dla kontroli jakości danych, wykorzystanie ontologii i wyodrębniania danych, funkcje generyczne dla wizualizacji danych, zmienności danych oraz dla prezentacji danych sklasteryzowanych czy mapy ciepła.

Przedstawiane jest także oprogramowanie wykorzystywane dla obróbki obrazów uzyskanych z metody *Fluorescent in situ hybridization* oraz zastosowanie języka SBML - Systems Biology Markup Language dla modelowania systemów biologicznych, graficzny zapis modeli, translacja modeli do innych środowisk.

Program przedmiotu zamykają zasady przygotowywania receptur dla oprogramowania sterowania procesów wsadowych w/g normy PN-EN 61512.

Wykład prowadzony w całości przed zajęciami laboratoryjnymi, dla zapoznania słuchaczy z całością materiału.

Laboratorium:

Zajęcia laboratoryjne w blokach czterogodzinnych, aby umożliwić realizację bardziej złożonych programów opartych o rzeczywiste dane. Oprogramowanie jest realizowane w środowisku dostępnym dla studentów także dla ich komputerów domowych. W oparciu o wykład oraz udostępniane na platformie zdalnej edukacji materiały, zajęcia laboratoryjne rozpoczynają się krótką kartkówką sprawdzającą umiejętności niezbędne dla realizacji oprogramowania w trakcie poszczególnych zajęć laboratoryjnych. Zajęcia laboratoryjne kończą się samodzielnie wykonanym przez studentów złożonym zadaniem programistycznym.

Na początku zajęć laboratoryjnych może zostać przeprowadzona kartkówka mająca na celu sprawdzenie przygotowania studenta do zajęć. Obowiązuje zakres tematyczny z wykładów oraz materiałów dostępnych na Platformie Zdalnej Edukacji. Z kartkówki można uzyskać maksymalnie 2 punkty. Uwzględniając przygotowanie teoretyczne oraz aktywność w realizacji poleceń i zadań wydanych w trakcie ćwiczenia, prowadzący wystawia każdemu studentowi ocenę końcową z danego ćwiczenia (ocena z zakresu <0,2>). Ocena końcowa z przedmiotu jest związana z sumaryczną ilością zdobytych punktów oraz wykonaniem zadania programistycznego. W celu umożliwienia zrealizowania bardziej złożonych zadań programistycznych, laboratorium połączone jest w dłuższe bloki.

Realizowane są nastp. tematy:

1. Podstawy programowania w środowisku R. Środowisko graficzne Eclipse.
2. Analiza danych wielkoskalowych w środowisku R na przykładzie zbioru danych mikromacierzowych.
3. Obiekt `ExpressionSet` i metody analizy danych mikromacierzowych.
4. Tworzenie interfejsu graficznego i wykorzystanie trybu wsadowego w środowisku R.

Literatura:

USOS: Szczegóły przedmiotu: BioAu>SM1WSP20, w cyklu: <brak>, jednostka dawcy: <brak>, grupa przedm.: <brak>

Jared P. Lander, R dla każdego. Zaawansowane analizy i grafika statystyczna. APN Promise, Warszawa 2018 Marek Gągolewski. Programowanie w języku R. Analiza danych, obliczenia, symulacje. PWN Warszawa 2014 J. D. Long, P Teetor. Język R Receptury. Helion Gliwice 2020. Przemysław Biecek, Przewodnik po pakiecie R, Oficyna Wydawnicza GiS, Wrocław 2008 R. Gentleman, V. Carey, W. Huber, R. Irizarry, S. Dudoit; Bioinformatics and Computational Biology Solutions Using R and Bioconductor, Springer 2005 Efekty uczenia się: Student zna i rozumie zagadnienia niezbędne do modelowania procesów biotechnologicznych oraz eksploracji danych pochodzących z zaplanowanych eksperymentów (K2A_W01) a także , programowania inżynierskiego w biotechnologii (K2A_W04), przy wykorzystaniu metod statystycznych (K2A_W17). Student zna i rozumie zagadnienia dotyczące patentów, receptur oraz ochrony własności intelektualnej (K2A_W16), a także zna i rozumie zagadnienia z zakresu programowania inżynierskiego, organizacji, zarządzania i funkcjonowania sieci komputerowych i ontologii (K2A_W18) Student potrafi samodzielnie tworzyć oprogramowanie dla projektowania i modelowania matematycznego procesów biotechnologicznych (K2A_U07), a także wykorzystywać metody statystyczne do opisu zjawisk przyrodniczych i analizy danych eksperymentalnych (K2A_U10) oraz potrafi analizować i rozwiązywać problemy związane z biotechnologią na drodze badań symulacyjnych i eksperymentalne (K2A_U08). Student potrafi planować i interpretować uzyskane wyniki, przeprowadzać dyskusję z danymi literaturowymi (K2A_U12) i wyjaśniać mechanizmy procesów biologicznych w różnych gałęziach przemysłu (K2A_U21). Student jest gotów do podnoszenia swoich kompetencji zawodowych (K2A_K01) i działania kreatywnego (K2A_K04) i przedsiębiorczego (K2A_K07). Metody i kryteria oceniania: Wykład z przedmiotu w liczbie 30 godzin. Na zakończenie wykładu jest przeprowadzany sprawdzian pisemny. Warunkiem zaliczenia ćwiczeń laboratoryjnych jest realizacja indywidualnego programu oraz przedstawienie wyników jego działania. Warunkiem zaliczenia przedmiotu: Wybrane Systemy Programowania jest pozytywne (na ocenę co najmniej 3.0) zaliczenie sprawdzianu na zakończenie wykładów oraz zaliczenie zajęć laboratoryjnych (na ocenę co najmniej 3.0). Ocena końcowa zaliczenia przedmiotu: Wybrane Systemy Programowania jest średnią arytmetyczną sprawdzianu na zakończenie wykładów oraz oceny końcowej zaliczenia zajęć laboratoryjnych. Obecność na wszystkich zajęciach laboratoryjnych jest obowiązkowa. Usprawiedliwianie nieobecności odbywa się na podstawie uwierzytelnionego zwolnienia lekarskiego (wpis do książeczki zdrowia). Student, który był nieobecny z ważnych powodów losowych lub udokumentowanej choroby, może uzyskać zgodę prowadzącego na odrobienie ćwiczeń. Sylabus obowiązuje od drugiego semestru / roku akademickiego 2024/25, a jego zawartość nie podlega zmianom w trakcie semestru.
--

Punkty przedmiotu w cyklach:

<bez przypisanego programu>			
Typ punktów	Liczba	Cykl pocz.	Cykl kon.
Europejski System Transferu Punktów (ECTS)	3	2020/2021-L	