**Nazwa przedmiotu:**

Metody bioinformatyki

**Koordynator przedmiotu:**

Robert NOWAK

**Status przedmiotu:**

Fakultatywny dowolnego wyboru

**Poziom kształcenia:**

Studia II stopnia

**Program:**

Informatyka

**Grupa przedmiotów:**

Przedmioty techniczne - zaawansowane

**Kod przedmiotu:**

MBI

**Semestr nominalny:**

3 / rok ak. 2015/2016

**Liczba punktów ECTS:**

4

**Liczba godzin pracy studenta związanych z osiągnięciem efektów uczenia się:**

110; 30 - wykład, 40 - projekt, 40 - pozostałe (literatura, rozwiązywanie mini-zadań, przygotowywanie się do egzaminów)

**Liczba punktów ECTS na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich:**

30 godz. wykład
15 godz. spotkania projektowe
w sumie 45 godz. co daje ok. 2 ECTS

**Język prowadzenia zajęć:**

polski

**Liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje w ramach zajęć o charakterze praktycznym:**

15 godz. spotkania projektowe
25 godz. realizacja projektu
15 godz. rozwiązywanie mini-zadań
w sumie 55 godzi. co daje nieco ponad 2 ECTS

**Formy zajęć i ich wymiar w semestrze:**

|  |  |
| --- | --- |
| Wykład: | 30h |
| Ćwiczenia: | 0h |
| Laboratorium: | 0h |
| Projekt: | 15h |
| Lekcje komputerowe: | 0h |

**Wymagania wstępne:**

podstawowa znajomość algorytmów i struktur danych
umiejętność programowania w stopniu podstawowym

**Limit liczby studentów:**

48

**Cel przedmiotu:**

Celem przedmiotu jest zapoznanie słuchaczy z zagadnieniami przetwarzania informacji o sekwencjach biologicznych. Współcześnie biologia wykorzystuje najnowsze osiągnięcia informatyki, statystyki, sztucznej inteligencji w celu odczytywania i interpretacji informacji zawartej w sekwencjach cząstek DNA, RNA i białek. Wykład dostarcza niezbędnej wiedzy o biologii molekularnej z punktu widzenia informatyki, a następnie skupia się na głównych zagadnieniach analizy sekwencji DNA i RNA. Omawiane są również algorytmy wykorzystujące mikromacierze, bazy danych sekwencji biologicznych, sekwencjonowanie, badanie profili genetycznych, optymalizacja reakcji biologicznych. Prezentowane zagadnienia mają szerokie zastosowanie we współczesnej biologii i medycynie,
np. do diagnozowania chorób, wykrywania pokrewieństw itp.
Zadanie projektowe pozwala badać wybrane algorytmy w praktyce przy pomocy wybranego narzędzia i języka programowania.

**Treści kształcenia:**

- omówienie zagadnień biologii molekularnej dla potrzeb informatyki, budowa cząsteczek DNA, RNA, białka, podstawowe reakcje, budowa genomu,
rola informatyki we współczesnej biologii i medycynie.
- badanie podobieństw sekwencji biologicznych, programowanie dynamiczne,
podobieństwa dwóch sekwencji: lokalne i globalne, algorytmy heurystyczne
- badanie podobieństw wielu sekwencji, grupowanie, profile, tworzenie macierzy podobieństw na podstawie danych doświadczalnych
- profile genetyczne, badanie pokrewieństw, badanie mieszanin, rozkłady wariantów na chromosomach
- procesy pozyskiwania sekwencji biologicznych, assemblery DNA, automatyczna adnotacja strukturalna i funkcjonalna, ukryte Modele Markowa
- grupowanie i redukcja wymiarów
- przewidywanie struktur drugorzędowych cząsteczek, optymalizacja reakcji biologicznych
- bazy danych sekwencji biologicznych, przechowywanie i wyszukiwanie

**Metody oceny:**

egzamin
projekt realizowany w zespołach 2 lub 3 osobowych

**Egzamin:**

tak

**Literatura:**

J. Xiong, Podstawy bioinformatyki, PWN, 2011
P.Higgs, T.Attwood, Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, 2008
A.Baxevanis, B.Ouellette, Bioinformatyka, podręcznik do analizy genów i białek. PWN, 2005
R.Durbin, S.Eddy, A.Krogh, G.Mithison, Biological sequence analysis. Cambridge 2007

**Witryna www przedmiotu:**

http://studia.elka.pw.edu.pl/pub/MBI.A/

**Uwagi:**

## Efekty przedmiotowe

### Profil ogólnoakademicki - wiedza

**Efekt Wpisz opis:**

Potrafi wykorzystywać algorytmy przewidywania struktur cząsteczek i inne algorytmy optymalizujące procesy biologiczne

Weryfikacja:

egzamin

**Powiązane efekty kierunkowe:** K\_W04, K\_W08

**Powiązane efekty obszarowe:** T2A\_W02, T2A\_W07

### Profil ogólnoakademicki - umiejętności

**Efekt Wpisz opis:**

Potrafi wykorzystać wybrany algorytm bioinformatyczny do analizy danych oraz potrafi interpretować wyniki obliczeń

Weryfikacja:

projekt realizowany w zespołach 2 lub 3 osobowych

**Powiązane efekty kierunkowe:** K\_U01, K\_U04, K\_U07, K\_U09, K\_U12, K\_U13

**Powiązane efekty obszarowe:** T2A\_U01, T2A\_U05, T2A\_U10, T2A\_U11, T2A\_U17, T2A\_U18

### Profil ogólnoakademicki - kompetencje społeczne

**Efekt Wpisz opis:**

Potrafi pracować w zespole przy realizacji projektu programistycznego

Weryfikacja:

projekt realizowany w zespołach 2 lub 3 osobowych

**Powiązane efekty kierunkowe:** K\_K01

**Powiązane efekty obszarowe:** T2A\_K06