



**KAPITAŁ LUDZKI**  
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez  
Unię Europejską w ramach  
Europejskiego Funduszu  
Społecznego

**UNIA EUROPEJSKA**  
EUROPEJSKI  
FUNDUSZ SPOŁECZNY



<b>Nazwa przedmiotu</b>		<b>Kod ECTS</b>	
Algorytmy bioinformatyki		11.3.1034	
<b>Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot</b>			
Instytut Fizyki Teoretycznej i Astrofizyki			
<b>Studia</b>			
<b>wydział</b>	<b>kierunek</b>	<b>poziom</b>	<b>pierwszego stopnia</b>
Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki	Bioinformatyka	<b>forma</b>	stacjonarne
		<b>moduł</b>	Podstawowa
		<b>specjalnościowy</b>	Podstawowa
		<b>specjalizacja</b>	Podstawowa
<b>Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)</b>			
prof. dr hab. Danuta Makowiec			
<b>Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin</b>		<b>Liczba punktów ECTS</b>	
<b>Formy zajęć</b>		5 Przedmiot w wymiarze 30h wykładu i 30h ćwiczeń w laboratorium komputerowym + praca własna	
Wykład, Ćw. laboratoryjne			
<b>Sposób realizacji zajęć</b>			
zajęcia w sali dydaktycznej			
<b>Liczba godzin</b>			
Wykład: 30 godz., Ćw. laboratoryjne: 30 godz.			
<b>Termin realizacji przedmiotu</b>			
2020/2021 zimowy			
<b>Status przedmiotu</b>		<b>Język wykładowy</b>	
obowiązkowy		polski	
<b>Metody dydaktyczne</b>		<b>Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne</b>	
<ul style="list-style-type: none"> <li>- praca własna - przygotowanie się do zaliczenia</li> <li>- ćwiczenia laboratoryjne w pracowni komputerowej</li> </ul>		<b>Sposób zaliczenia</b>	
		<ul style="list-style-type: none"> <li>- Zaliczenie na ocenę</li> <li>- Zaliczenie (zal)</li> </ul>	
		<b>Formy zaliczenia</b>	
		<ul style="list-style-type: none"> <li>- ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru</li> <li>- kolokwium</li> <li>- wykonanie pracy zaliczeniowej - wykonanie określonej pracy praktycznej</li> <li>- Wykład - zaliczenie na zal</li> <li>Laboratorium - zaliczenie na ocenę</li> </ul>	
		<b>Podstawowe kryteria oceny</b>	
		Ocena końcowa z zajęć praktycznych powstaje jako średnia z ocen cząstkowych uzyskanych z kolejnych indywidualnych projektów. Projekty dotyczą kolejno różnych metod sortowania danych, a także wykorzystania abstrakcyjnych struktur danych do przechowywania danych. Zaliczenie wykładu: na podstawie obecności albo kolokwium.	
<b>Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia</b>			

zakładany efekt kształcenia	Wykonanie ćwiczeń	Kolokwium	mtd. dydakt 3	mtd. dydakt 4	mtd. dydakt 5	mtd. dydakt 6	mtd. dydakt 7	mtd. dydakt 8
Wiedza								
K_W03	+	+						
K_W04	+	+						
K_W08	+	+						
Umiejętności								
K_U01	+	+						
K_U05	+	+						
K_U06	+	+						
K_U07	+	+						

**Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi**

**A. Wymagania formalne**

zaliczenie z przedmiotu *Programowanie*

**B. Wymagania wstępne**

praktyczna znajomość języka C/C++

**Cele kształcenia**

Zrozumienie kluczowych algorytmów stosowanych w bioinformatyce, ich możliwości i ograniczeń.  
 Poznanie podstawowych strategii algorytmicznych służących projektowaniu nowych algorytmów.  
 Umiejętność zbadania poprawności algorytmu i jego wydajności czasowej.  
 Umiejętność implementowania projektów efektywnych w C++ i Pythonie oraz korzystania z bibliotek Pythona.

**Treści programowe**

Wykład+ ćwiczenia audytoryjne  
 Podstawowe techniki przeszukiwania zbiorów, notacja 'Big-O'.  
 Wyszukiwanie motywów regulacyjnych, łańcuch mediany. Przykłady zastosowania metod : wyczerpującej , przeszukiwania z ograniczeniami, przeszukiwanie metodą zachłanną, czy losową  
 Sekwencjonowanie DNA. Przykłady algorytmów grafowych w problemie konstrukcji najkrótszego superłańcucha.  
 Dopasowanie sekwencji DNA. Algorytmy dynamiczne do oceny podobieństwa pomiędzy sekwencjami DNA ( graf edycji, najdłuższy wspólny podciąg )  
 Przetrasowania w genomie: przykłady korzystania z algorytmów zachłannych , ich ograniczenia  
 Ewolucja DNA: algorytmy konstrukcji drzew filogenetycznych  
 Klasyfikacja danych : algorytm klastrowania hierarchicznego, klastrowanie metodą k-średnich  
 Podsumowania: przegląd podstawowych technik algorytmicznych: rekurencja, algorytmy grafowe, programowanie dynamiczne, algorytmy zachłanne  
 Laboratorium  
 Realizowane projekty  
 Przeszukiwanie zbioru tekstowego. Operacja wejścia- wyjścia w C++, programowanie wieloplukowe, dobre praktyki programistyczne.  
 Abstrakcyjne typy danych: lista. Projektowanie obiektowe w C++.  
 Wprowadzenie do Pythona: wyrażenia regularne w przeszukiwaniu zbiorów tekstowych  
 Praca z danymi stabelaryzowanymi ( biblioteko panda)  
 Wyszukiwanie motywu w łańcuchu DNA - algorytmy: wyczerpujący, zachłanny, losowy  
 Wyszukiwanie motywu w łańcuchu DNA- przeszukiwanie na drzewie  
 Klasteryzacja metodą Llyoda k-średnich.

**Wykaz literatury**

Neil C. Jones , Pavel A. Pevzner, An Introduction to Bioinformatics Algorithms, MIT Press 2004  
 T. H. Cormen, C. E. Leiserson, Wprowadzenie do algorytmów, WNT 1998.  
 Bioinformatics Algorithms: An Active Learning Approach by Phillip Compeau and Pavel Pevzner, Active Learning Publishers 2015,  
<http://csbio.unc.edu/mcmillan/index.py?run=Courses.Comp555S18> kurs Prof. Leonarda McMillana z University of North Carolina

**Kierunkowe efekty kształcenia**

K\_W03 ma uporządkowaną, podbudowaną teoretycznie

**Wiedza**

Student zna:

<p>wiedzę ogólną w zakresie programowania, algorytmów i złożoności, języków i paradygmatów programowania, baz danych, inżynierii oprogramowania</p> <p>K_W04 zna podstawowe konstrukcje programistyczne oraz pojęcia składni i semantyki języków programowania; zna podstawowe metody projektowania, analizowania i programowania algorytmów; zna podstawowe struktury danych i wykonywane na nich operacje</p> <p>K_W08 ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w naukach ścisłych i przyrodniczych</p> <p>K_U01 potrafi zastosować wiedzę matematyczną i informatyczną do formułowania, analizowania i rozwiązywania prostych zadań związanych z bioinformatyką</p> <p>K_U05 potrafi wykorzystywać podstawowe techniki algorytmiczne i struktury danych do projektowania, analizowania, tworzenia, uruchamiania i testowania programów w wybranym środowisku programistycznym</p> <p>K_U06 posługuje się przyjętymi formatami reprezentacji różnego rodzaju danych stosownie do sytuacji, pamiętając o ich ograniczeniach</p> <p>K_U07 potrafi stosować podstawowe pakiety oprogramowania użytkowego do prezentacji wyników i analizy danych</p>	<p>kluczowe algorytmy stosowane w bioinformatyce, ich możliwości i ograniczenia (K_W03, K_W04, K_W08)</p> <p>podstawowe strategie algorytmiczne służące konstrukcji efektywnych algorytmów (K_W03, K_W04, K_W08).</p>
	<p><b>Umiejętności</b></p> <p>Student potrafi:</p> <p>Przetłumaczyć problem biologiczny na algorytm, zna podstawowe strategie algorytmiczne wykorzystywane w przetwarzaniu znaków (K_U01, K_U07)</p> <p>Zbadać poprawności algorytmu i ocenić jego wydajność czasową (K_U06).</p> <p>Zaprojektować i zaimplementować w C++ oraz w Pythonie prosty problem kombinatoryczny (K_U05) .</p> <p>Wykorzystać istniejące biblioteki w efektywnej implementacji problemów bioinformatyki (K_U08)</p>
	<p><b>Kompetencje społeczne (postawy)</b></p>
<p><b>Kontakt</b></p> <p>fizdm@univ.gd.pl</p>	