

## EFEKTY UCZENIA SIĘ I TREŚCI PROGRAMOWE DLA ZAJĘĆ

Kierunek: **Bioinformatyka**

Poziom studiów: **Studia drugiego stopnia**

Nazwa zajęć: **Projekt bioinformatyczny II**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna wybrane zagadnienia z zakresu biologii molekularnej i bioinformatyki
2. zna zaawansowane metody informatyczne stosowane przy rozwiązywaniu złożonych problemów bioinformatycznych i prowadzeniu prac badawczych w wybranym obszarze biologii molekularnej

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi realizować projekty bioinformatyczne wymagające dobrego przygotowania teoretycznego (tzn. oparte o wybrane działy biologii molekularnej i bioinformatyki)
2. potrafi dokonać krytycznej analizy istniejących rozwiązań technicznych oraz zaproponować ich ulepszenia (usprawnienia)

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do krytycznej oceny istniejących rozwiązań technicznych
2. jest gotów/owa poszerzać umiejętności prezentacji i wizualizacji uzyskanych wyników

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawy teoretyczne wybranego zagadnienia biologicznego lub problemu bioinformatycznego.

Aktualne metody bioinformatyczne i/lub informatyczne wykorzystywane w wybranym obszarze badawczym.

Realizacja wybranego problemu badawczego indywidualnie lub w grupie studentów.

Analiza, interpretacja, prezentacja i omówienie wyników uzyskanych w trakcie realizacji projektu.

Nazwa zajęć: **Transkryptomika**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna zaawansowane narzędzia służące do obróbki danych transkryptomikowej
2. zna różnorodne protokoły analityczne przydatne w obróbce danych transkryptomikowych
3. wie, w jaki sposób bioinformatyczna obróbka danych transkryptomikowych może pomóc w rozwiązywaniu problemów nauk biologicznych i medycznych

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wykorzystywać oraz modyfikować różnorodne protokoły analityczne przydatne w obróbce danych transkryptomikowych
2. potrafi tworzyć własne metody i narzędzia do wykorzystania w bioinformatycznej analizie danych
3. potrafi szukać informacji pomocnych w dalszym samokształceniu

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do tworzenia nieskomplikowanych narzędzi bioinformatycznych
2. jest gotów/owa modyfikować istniejące rozwiązania służące do obróbki danych transkryptomikowych
3. jest gotów/owa do szukania informacji pomocnych w dalszym samokształceniu
4. jest gotów/owa do współpracy ze specjalistami z pokrewnych dziedzin

**Treści programowe dla zajęć:**

Analiza danych transkryptomikowych z wykorzystaniem nowoczesnych narzędzi i rozwiązań.

Obróbka danych transkryptomikowych z wykorzystaniem gotowych rozwiązań, wspartych samodzielną obróbką danych i wizualizacją wyników.

Tworzenie własnych rozwiązań, poprzez modyfikowanie już istniejących algorytmów i narzędzi oraz konstruowanie potoków analitycznych.

Wprowadzenie do transkryptomiki: wskazanie trendów, podejść analitycznych; sposobów wykorzystania danych transkryptomikowych w badaniach biologicznych i biomedycznych; źródła danych transkryptomikowych; sposoby na samodoskonalenie się w dziedzinie.

Nazwa zajęć: **Wirusologia**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie budowę, genetykę, różnorodność i ewolucję wirusów
2. zna i rozumie podstawowe metody wirusologiczne i sposoby interpretacji ich wyników

3. rozumie rolę wirusów w środowisku i gospodarce człowieka a także zasady i ograniczenia związane z ich badaniem

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi poddać dane uzyskane za pomocą technik wirusologicznych i analizie bioinformatycznej

**Treści programowe dla zajęć:**

Budowa, funkcjonowanie i różnorodność wirusów, wiroidów i prionów.

Metody badawcze i techniki diagnostyczne w wirusologii ze szczególnym uwzględnieniem metod bioinformatycznych

Zasady bezpieczeństwa i higieny pracy w laboratorium wirusologicznym oraz zasady bezpieczeństwa biologicznego (BSL)

Wpływ wirusów na populacje ludzkie i środowisko przyrodnicze i ich zastosowanie w medycynie i biotechnologii

Nazwa zajęć: **Metody statystyczne w bioinformatyce**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna reguły stosowania parametrycznych i nieparametrycznych testów statystycznych oraz potrafi zinterpretować wyniki otrzymane po testowaniu.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wykonać obliczenia matematyczne w R.

2. potrafi przygotować i wczytać dane do obliczeń oraz wykonać transformacje danych.

3. potrafi wykonać graficzną prezentację danych.

4. rozumie, potrafi wykonać oraz zinterpretować analizę wariancji MANOVA.

5. rozumie, potrafi wykonać oraz zinterpretować analizę składowych głównych.

6. rozumie, potrafi wykonać oraz zinterpretować analizę skupień.

7. umie zastosować modele nieliniowe (krzywe wzrostu).

8. potrafi wykonać regresję liniową, wielokrotną, logistyczną, krzywoliniową, selekcję zmiennych oraz zinterpretować wyniki.

9. umie wykonać analizę danych pochodzących z różnych typów układów eksperymentalnych.

10. potrafi wykonać analizę danych sekwencyjnych.

11. umie rozwiązać zadanie stosując metody uczenia maszynowego.

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawowe obliczenia w R.

Zbiory danych: wczytanie danych różnych formatów, transformacje danych, obliczenia.

Wizualizacja danych.

Testowanie parametryczne i nieparametryczne: wprowadzenie, dwie populacje, analiza wariancji dla wielu populacji, nieparametryczne testy wielokrotne.

Analiza wariancji MANOVA.

Analiza składowych głównych.

Analiza skupień.

Modele nieliniowe (krzywe wzrostu).

Regresja liniowa, regresja wielokrotna, regresja logistyczna, regresja krzywoliniowa, selekcja zmiennych.

Układy eksperymentalne: typy, analizy, interpretacja.

Analiza danych sekwencyjnych.

Wprowadzenie do uczenia maszynowego.

Nazwa zajęć: **Bioinformatyka strukturalna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. rozumie zasady zaawansowanych metod bioinformatyki strukturalnej oraz symulacji dynamiki molekularnej

2. zna ograniczenia i zastosowania zaawansowanych metod bioinformatyki strukturalnej oraz symulacji dynamiki molekularnej

3. rozumie konsekwencje zespołowej natury białek

4. rozumie mechanizm leżący u podstaw skutków szkodliwych i korzystnych mutacji

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zaprojektować i wykonać zaawansowane przewidywania strukturalne i symulacje dynamiki molekularnej nietrywialnych problemów biologicznych

**Treści programowe dla zajęć:**

Kompleksy białkowo-białkowe - metody przewidywania.

Mutacje białek - strukturalne podstawy skutków mutacji, zrozumienie skutków poprzez adnotację afektowanych regionów, przewidywanie zmutowanych struktur i efektów.

Przewidywanie struktury białek bez matrycy - wykrywanie fałdowania i metody de novo.

Wprowadzenie do symulacji dynamiki molekularnej - modelowanie oddziaływań i pól sił, warunki brzegowe i rozpuszczalnik, równania ruchu, utrzymywanie temperatury i ciśnienia, właściwości systemu obliczeniowego, analizy symulowanych danych.

Nazwa zajęć: **Pracownia A: Bioinformatyka sekwencji**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zyska umiejętność rozwiązywania zadań badawczych w oparciu o wiedzę i umiejętności nabyte w trakcie studiów

2. wzmocni umiejętność krytycznego podejścia w doborze i ocenie danych naukowych

3. posiada poszerzoną i ugruntowaną wiedzę w zakresie bioinformatyki sekwencji

**w zakresie umiejętności:**

1. wzmocni umiejętność trafnego doboru metod i narzędzi badawczych oraz funkcjonowania w laboratorium

2. wzmocni umiejętność prezentacji wiedzy i danych naukowych

3. wzmocni umiejętność pracy w grupie

**Treści programowe dla zajęć:**

Prezentacja problemu badawczego

Planowanie i realizacja zadań badawczych w celu rozwiązania postawionego zadania.

Analiza uzyskanych wyników.

Dyskusja wyników w oparciu o uzyskane dane i literaturę oraz sformułowanie perspektyw badawczych.

Nazwa zajęć: **Struktura biomolekuł w roztworze**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie podstawy teoretyczne metod rozpraszania promieniowania rentgenowskiego i neutronów, ich zalety i wady.

2. zna zastosowanie bioinformatyki strukturalnej w analizie danych otrzymanych za pomocą metody SAXS/SANS.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zastosować metod rozpraszania promieniowania rentgenowskiego i neutronów w badaniu biomolekuł.

2. potrafi na podstawie danych SAXS/SANS wyznaczyć podstawowe parametry strukturalne opisujące makromolekułę w roztworze: promień żyrcji  $R_g$ , maksymalny rozmiar cząsteczki  $D_{max}$ , masę molekularną oraz oszacować kształt badanej makromolekuły

3. potrafi zaplanować podstawowy eksperyment z wykorzystaniem techniki SAXS oraz ocenić poprawność i jakość otrzymanych danych

4. potrafi porównać teoretyczną krzywą rozpraszania dla modelu biomolekuły z krzywą eksperymentalną i ocenić jakość dopasowania

5. potrafi wygenerować niskorozdzielczy model biomolekuły na podstawie danych eksperymentalnych.

6. potrafi zintegrować dostępne dane strukturalne i dane SAXS/SANS w celu otrzymania modelu struktury biomolekuły.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do podjęcia współpracy z osobami stosującymi metody małokątowego rozpraszania promieniowania rentgenowskiego i neutronów.

2. jest gotów/owa do tego aby mógł dalej poszerzać wiedzę i umiejętności związane z metodami rozpraszania promieniowania rentgenowskiego i neutronów.

**Treści programowe dla zajęć:**

Teoretyczne podstawy małokątowego rozpraszania promieniowania rentgenowskiego i neutronów.

Krzywa rozkładu odległości wewnątrzcząsteczkowych  $P(R)$ , promień żyrcji  $R_g$ , Wykres Guinier'a, wykres Kratky'ego, wyznaczanie masy molekularnej na podstawie danych eksperymentalnych SAXS/SANS.

Podstawy eksperymentalne technik rozproszeniowych, monodispersyjność próbek.

Małokątowe rozpraszanie neutronów – porównanie z techniką SAXS i jego zastosowanie.

Modelowanie ab-initio, modelowanie bryły sztywnej, modelowanie układów dynamicznych i wykazujących różny stopień nieuporządkowania.

Wprowadzenie do pakietu ATSAS, grupy programów służących do modelowania struktur makromolekuł na podstawie danych SAXS/SANS.

Zastosowanie techniki i danych SAXS/SANS w ramach bioinformatyki strukturalnej.

Nazwa zajęć: **Metagenomika**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie najważniejsze pojęcia i zagadnienia z zakresu mikrobiologii i wirusologii środowiska

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi posługiwać się podstawowymi technikami metagenomiki celowanej, funkcjonalnej i opartej na sekwencji

2. potrafi samodzielnie dobrać, skonfigurować i obsługiwać podstawowe narzędzia bioinformatyczne a także łączyć je w potoki analityczne (ang. pipelines, workflows)

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawowe pojęcia z zakresu mikrobiologii i wirusologii środowiska

Techniki i podejścia metagenomiczne: metagenomika oparta na sekwencji, celowana (oparta na analizie ampliconów), funkcjonalna, wiromika, metatranskryptomika, bio-prospecting (poszukiwanie naturalnych źródeł bio-cząsteczek i informacji genetycznej użytecznej w gospodarce człowieka)

Narzędzia do analizy różnorodności drobnoustrojów i wirusów

Narzędzia do składania, adnotacji i analizy metagenomów

Nazwa zajęć: **Zastosowania chmury obliczeniowej w bioinformatyce**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. posiada wiedzę na temat możliwości jakie oferują systemy obliczeń rozproszonych

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi uruchamiać obliczenia na klastrach obliczeniowych

2. potrafi korzystać z obliczeniowych usług chmurowych

3. potrafi przygotować oprogramowanie bioinformatyczne do uruchomienia na systemach rozproszonych

**Treści programowe dla zajęć:**

Obliczeniowe systemy rozproszone - rodzaje i możliwości zastosowania w bioinformatyce

Wykorzystanie i obsługa klastrów obliczeniowych

Wykorzystanie i obsługa systemów chmurowych

Wirtualizacja i konteneryzacja oprogramowanie

Nazwa zajęć: **Wprowadzenie do głębokich architektur sieci neuronowych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. rozumie zagadnienia związane z propagacją wsteczną oraz architekturą skierowanych sieci neuronowych.

2. wie, że wiele strategii używanych w uczeniu maszynowym jest wyraźnie zaprojektowanych w celu zmniejszenia błędu testu, prawdopodobnie kosztem zwiększonego błędu uczenia. Te strategie są znane łącznie jako regularyzacja. Poznanie palety technik, które mają służyć skutecznemu generalizowaniu przez głębokie sieci neuronowe jest jednym z głównych efektów całego kursu. Zna podstawy koncepcji normalizacji batch-owej jako jednej z istotnych metod poprawiania własności generalizowania modelu. Rozumie metody optymalizacji oraz metody wizualizowania ich zachowania jako zmiany funkcji na różnych rodzajach powierzchni funkcji kosztów. Wie, że intuicję dotyczącą struktury funkcji kosztu można zbudować badając aproksymację drugiego rzędu szeregów Taylora funkcji kosztu. Ta funkcja kwadratowa może powodować problemy, takie jak punkty siodłowe. Wizualizacja funkcji kosztów sieci neuronowej pokazuje, jak te i inne cechy geometryczne funkcji kosztów sieci neuronowej wpływają na wydajność zstępowania gradientowego.

3. rozumie zagadnienia związane z mechaniką sieci konwolucyjnych poczynając od koncepcji ramki przesuwnej, funkcji kernelowej na niej wyliczanej, poprzez poszczególne warstwy sieci (pooling, subsampling, mapy cech, warstwy fully connected etc) Rozumie zagadnienie metodologii regularyzacji modelu CNN. Rozumie zagadnienie metodologii wizualizacji przestrzeni funkcyjnej dla poszczególnych warstw gęstych. Zna sposoby przygotowania danych do postaci tensorowej, pozwalających na najlepsze wykorzystanie własności sieci konwolucyjnych (dane obrazowe, sekwencyjne, etc).

4. rozumie architekturę sieci rekurencyjnej wychodząc z koncepcji współdzielenia parametrów w różnych częściach modelu (współdzielenie parametrów umożliwia rozszerzenie i zastosowanie modelu do przykładów różnych form) (tutaj różne długości sekwencji np genomicznych) i uogólnij je).
5. rozumie koncepcję symetrycznych sieci neuronowych (tzw. autoencoder) w tym ich budowy wewnętrznej oraz ich rodzajów (variational autoencoder etc).
6. rozumie konieczność adaptacji rozkładów pochodzących z różnych warunków / kontekstów. Zna podejścia adaptacji populacji od podstawowych (z wykorzystaniem tzw. wybielania (ang. whitening)) do zaawansowanych z metryką Wassersteina Zna przykładowe zastosowania.
7. zna i rozumie podstawy matematyczne związane z tworzeniem hipotez o syntetycznych próbkach w podejściu GAN.
8. zna przykłady zastosowań algorytmów i architektur głębokiego uczenia na danych: obrazowych, sekwencyjnych (dane genomiczne), strukturalnych (dane białkowe), grafowych (grafy powiązań białkowych).
9. zna i rozumie algorytmy pozwalające na rozwikłanie ważności poszczególnych cech wektora wejściowego (m.in. podejścia z teorii gier jak np Shapley indeks ) Rozumie koncepcje przestrzeni funkcyjnej, generowanej przez głęboki model neuronowy na poszczególnych poziomach abstrakcji jako narzędzia nawigacji po topologii zadanej funkcji kryterialnej .

**Treści programowe dla zajęć:**

Skierowane sieci neuronowe i algorytmy ich konstrukcji z wyjaśnieniem algorytmu propagacji wstecznej.  
Zagadnienie regularyzacji i optymalizacji w zagadnieniu uczenia głębokich sieci neuronowych.  
Tworzenie architektur sieci neuronowych z przeplotem (sieci konwolucyjnych).  
Modelowanie danych sekwencyjnych: rekurencyjne sieci neuronowe.  
Symetryczne sieci neuronowe w zagadnieniu uczenia niskowymiarowej reprezentacji danych (zagadnienia autoencodera).  
Strukturalizowane probabilistyczne modele dla głębokich sieci neuronowych.  
Generatywne modele głębokich sieci neuronowych.  
Metody adaptacji domeny populacji w głębokich sieciach neuronowych.  
Wprowadzenie do metodyki tworzenie syntetycznych danych algorytmem GAN (Generative Adversarial Networks).  
Przegląd zastosowań głębokich sieci neuronowych w problemach biologii molekularnej.  
Algorytmy określania własności cech w ujęciu głębokich sieci neuronowych oraz wizualizacji ich przestrzeni funkcyjnych.

**Nazwa zajęć: Rejestracja, przetwarzanie i analiza obrazów mikroskopowych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna rodzaje mikroskopów i oparte o mikroskopię metody badawcze stosowane w badaniach biologicznych
2. zna oprogramowanie komputerowe komercyjne i niekomercyjne umożliwiające wykonanie analiz obrazów

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zarejestrować obraz biologiczny z wykorzystaniem mikroskopu fluorescencyjnego/konfokalnego
2. potrafi zastosować podstawowe funkcje z zakresu przekształcania obrazu
3. potrafi wykonać rekonstrukcję 3D z zarejestrowanej serii przekrojów i analizę ruchów wewnątrz komórki na podstawie serii zdjęć poklatkowych
4. potrafi przygotować cyfrowy obraz mikroskopowy do prezentacji wyników unikając przekłamań i artefaktów obrazu

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do poszerzania swojej wiedzy w zakresie nowoczesnych rozwiązań i technologii badawczych w mikroskopii wraz z ich praktycznymi zastosowaniami

**Treści programowe dla zajęć:**

Komercyjne systemy mikroskopowe; zasady działania i podstawy obsługi różnych typów mikroskopów stosowanych w badaniach żywych organizmów i komórek in vivo/vitro. Nowoczesne techniki mikroskopowe (detekcja pojedynczych cząsteczek, pomiar czasu życia fluorescencji, mikroskopia superrozdzielcza, mikroskopia arkusza światła).

Metody rejestracji obrazu cyfrowego za pomocą mikroskopii szerokiego pola, mikroskopii konfokalnej, super-rozdzielczej i arkusza światła. Różnice w podejściu do analizy i typie informacji zawartej w

obrazie w zależności od sposobu rejestracji. Dekonwolucja jako metoda poprawy jakości obrazów mikroskopowych. Automatyzacja procesu analizy obrazu i opracowania uzyskanych wyników.

Metody ilościowej analizy obrazu: binaryzacja i segmentacja. Podstawowe techniki automatyzacji analizy obrazu (tworzenie makr). Zaawansowane wykorzystanie narzędzi analizy obrazu do uzyskania danych liczbowych z obrazów trójwymiarowych i sekwencji czasowych (poklatkowych). Zastosowania technik analizy obrazu w biologii i medycynie.

Rejestracja i analiza danych uzyskanych w mikroskopii FLIM (pomiaru czasu życia fluorescencji) i FRET (analiza oddziaływań międzycząsteczkowych).

Współczesne trendy w wykorzystaniu zaawansowanej mikroskopii w badaniach biologicznych.

**Nazwa zajęć: Biokrystalografia**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. rozumie zasady międzynarodowej symboliki krystalograficznej.
2. rozumie podstawy dyfrakcji rentgenowskiej na kryształach.
3. zna właściwości i sposoby otrzymywania kryształów makromolekuł.
4. wie w jaki sposób rozwiązuje się strukturę kryształu makromolekularnego.
5. dobrze orientuje się w hierarchii oddziaływań międzycząsteczkowych i rozumie ich rolę w kształtowaniu struktury makromolekuł.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zaplanować optymalną drogę do rozwiązania problemu fazowego (metody podstawienia izomorficznego, podstawienia cząsteczkowego i dostrojonej dyfrakcji anomalnej).
2. analizuje i przeprowadza selekcję informacji biostrukturalnych znalezionych w literaturze i światowych bankach danych oraz umie ocenić jakość tej informacji.
3. zna zastosowanie aparatury rentgenowskiej w badaniach strukturalnych oraz zasady zachowania się w laboratorium rentgenowskim.
4. umie przygotować i wygłosić referat na temat naukowy oraz zabiera głos w dyskusji.

**Treści programowe dla zajęć:**

Symetria w świecie kryształów i molekuł.

Konwencjonalne i synchrotronowe źródła promieniowania rentgenowskiego.

Interpretacja dyfrakcji promieniowania rentgenowskiego na kryształach makromolekuł w oparciu o koncepcję sieci odwrotnej, pokaz aparatury dyfrakcyjnej w ruchu.

Problem fazowy i metody jego rozwiązania.

Mapy gęstości elektronowej i budowa modelu makromolekuły oraz więzy stereochemiczne.

Rozdzielczość i ocena modelu struktury, literatura krystalograficzna, Bank Struktur Białkowych PDB.

Elementy krystalohemii, zasady budowy i klasyfikacja zwoju białkowego oraz typy struktury kwasów nukleinowych.

Triangulacja wirusów sferycznych, problemy topologiczne kompleksów makromolekularnych.

Krystalizacja białek.

**Nazwa zajęć: Scientific communication**

**On successful completion of this course, a student in terms of knowledge:**

1. knows what is the structure and form of typical ways of scientific communication, such as a research proposal, a conference poster, and a talk using powerpoint presentation.

**in terms of skills:**

1. can write a research project for a grant proposal on a selected topic.
2. can present research data on a poster, and in a talk using a powerpoint presentation.
3. can explain research ideas to non-specialists using a powerpoint presentation.

**in terms of social competences:**

1. can discuss research topics with specialists and non-specialists.

**Treści programowe dla zajęć:**

Explaining the structure and typical content of a research proposal, and practicing writing such a proposal.

Explaining the typical structure, layout and content of the presentation of research data using a conference poster and a talk with the use of PowerPoint program. Practicing how to make such presentations and how to explain research data using such means of communication.

Explaining and practicing how to present scientific data and ideas to nonspecialists using a PowerPoint program.

**Nazwa zajęć: Genomika medyczna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie w pogłębionym stopniu biologię genomów nowotworowych, a także specjalistyczne metody, techniki i narzędzia bioinformatyczne wykorzystywane do analizy danych całogenomowych.
2. zna i rozumie podstawowe reguły dotyczące badań diagnostycznych oraz ochrony danych osobowych własności intelektualnej i przemysłowej.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi samodzielnie dobierać i stosować zaawansowane metody bioinformatyczne oraz specjalistyczne techniki do opisu złożonych zjawisk procesów onkogenezy oraz analizy wielkoskalowych danych całogenomowych.
2. potrafi brać udział oraz prowadzić dyskusję naukową z wykorzystaniem języka specjalistycznego oraz przedstawić i oceniać różne opinie i stanowiska w oparciu o szeroką wiedzę naukową z dziedzin bioinformatyki, genomiki i medycyny

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do samodzielnego i konsekwentnego poszerzania i aktualizowania swojej wiedzy z zakresu genomiki i bioinformatyki oraz dostrzegania możliwości jej praktycznego zastosowania w medycynie, jednocześnie znając i przestrzegając zasady etyki zawodowej.

**Treści programowe dla zajęć:**

Biologia nowotworów odczytana z całych genomów.

Wielkoskalowe technik sekwencjonowania DNA oraz problemy badawcze, w których znajdują zastosowanie.

Metody obliczeniowe dla wielkoskalowych danych całogenomowych w diagnostyce nowotworów.

Platforma do analiz genomowych dla medycyny personalizowanej.

Zastosowanie algorytmów uczenia maszynowego w genomice medycznej.

Identyfikacja nowych wariantów genomicznych z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych (projekt).

Nowe narzędzia diagnostyki molekularnej w indywidualizowanej terapii raka jajnika, piersi i płuc.

Problemy natury prawnej i etycznej w genomice medycznej.

**Nazwa zajęć: Uczenie maszynowe w przetwarzaniu danych molekularnych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna poszczególne architektury głębokie architektury sieci neuronowych oraz maszynowego uczenia możliwe do wykorzystania w kodowaniu obrazowych danych biologicznych. Rozumie proces przygotowania danych.
2. zna przegląd ortogonalnych funkcji matematycznych oraz ich sposobów numerycznego obliczania. Rozumie przykłady ich zastosowań.
3. zna wiodące algorytmy oraz architektury głębokie sieci neuronowych stosowanych do kodowania danych sekwencyjnych. Podaje przykłady kodowań dla danych sekwencji genomowych oraz proteinowych i zna hybrydowe reprezentacje kodowania do postaci tensorów wyższego rzędu.
4. rozumie algorytmy kodowania danych do celów klasyfikacji części zdania. Rozumie metodykę, algorytmy kodowania oraz identyfikacji encji nazwanych.

**w zakresie umiejętności:**

1. rozumie formaty zapisu danych molekuł chemicznych (w tym SMILE). Rozumie podstawowe metody kodowania danych molekuł chemicznych. Rozumie zaawansowane metody wraz z dedykowanymi zmianami na poziomie m.in. konwolucyjnych sieci neuronowych. Rozumie i zna regularyzację grafowych sieci neuronowych.
2. rozumie i stosuje metody kodowania danych tekstowych poczynając od prostych jak one-hot. Rozumie matematyczne metody składania wektorów znaczeń dla kompleksów typu zdania czy paragrafy.
3. rozumie mechanikę gramatyk probabilistycznych ( przykłady zdań poddanych stosowaniu gramatyk bezkontekstowych). Rozumie algorytmy oraz topologię drzew parsowania semantycznego.
4. rozumie rodzaje zależności typowych w drzewie parsowania semantycznego.
5. rozumie wykorzystania poznanych algorytmów, metod oraz architektur AI w kontekście ich praktycznego wykorzystania dla celów rozumienia tekstów publikacji naukowych.

**Treści programowe dla zajęć:**

Przegląd wiodących metod oraz architektur głębokich sieci neuronowych stosowanych do kodowania danych postaci obrazów lub ich sekwencji w czasie.

Wprowadzenie do dwu i trzywymiarowych momentów geometrycznych oraz przegląd głównych typów momentów.

Metody kodowania danych sekwencyjnych.

Metody kodowania danych strukturalnych (dane proteinowe oraz dane cząsteczek chemicznych).

Przeгляд statystycznych metod semantycznej reprezentacji danych tekstowych - tworzenie semantycznych wektorów osadzonych (ang. embeddings).

Metody gramatycznej dekompozycji zdania (w tym klasyfikacja części mowy, encje nazwane).

Parsing języka naturalnego przy użyciu bezkontekstowych gramatyk probabilistycznych - tworzenie drzew parsowania semantycznego.

Generowanie typowych zależności na podstawie drzew parsowania semantycznego.

Przykład zastosowań poszczególnych metod języka naturalnego na przykładzie analizy publikacji naukowych.

**Nazwa zajęć: Pracownia B: Bioinformatyka strukturalna i biologia systemów**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zyska umiejętność rozwiązywania zadań badawczych w oparciu o wiedzę i umiejętności nabyte w trakcie studiów

2. wzmocni umiejętność krytycznego podejścia w doborze i ocenie danych naukowych

3. posiada poszerzoną i ugruntowaną wiedzę w zakresie bioinformatyki strukturalnej i biologii systemów

**w zakresie umiejętności:**

1. wzmocni umiejętność trafnego doboru metod i narzędzi badawczych oraz funkcjonowania w laboratorium

2. wzmocni umiejętność prezentacji wiedzy i danych naukowych

3. wzmocni umiejętność pracy w grupie

**Treści programowe dla zajęć:**

Prezentacja problemu badawczego

Planowanie i realizacja zadań badawczych w celu rozwiązania postawionego zadania.

Analiza uzyskanych wyników.

Dyskusja wyników w oparciu o uzyskane dane i literaturę oraz sformułowanie perspektyw badawczych.

**Nazwa zajęć: Proteomika i metabolomika**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna nowoczesne podejścia analityczne stosowane w proteomice i metabolomice.

2. zna różne typy analiz proteomicznych i metabolomicznych.

3. zna sposoby przygotowania różnych typów materiału biologicznego do analizy proteomicznej/metabolomicznej.

4. zna podstawowe programy i bazy danych stosowane w proteomice i metabolomice.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zaprojektować eksperyment w oparciu o odpowiednie techniki i materiał wyjściowy.

2. potrafi interpretować wyniki uzyskane w eksperymentach opisanych w literaturze naukowej.

3. potrafi posługiwać się w stopniu podstawowym białkowymi bazami danych i interpretuje uzyskane wyniki.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotowa do dalszego zdobywania wiedzy i umiejętności w dziedzinie proteomiki i metabolomiki

**Treści programowe dla zajęć:**

Wprowadzenie do spektrometrii mas (techniki jonizacji, typy analizatorów, rodzaje detekcji) i chromatografii (cieczowej, gazowej).

Wprowadzenie do proteomiki i jej wariantów (globalna, celowana, funkcjonalna, strukturalna).

Wprowadzenie do metabolomiki, techniki analityczne stosowane w metabolomice.

Bioinformatyka i bazy danych stosowane w proteomice i metabolomice.

Zastosowanie proteomiki i metabolomiki w badaniach klinicznych. Techniki obrazowania przestrzennego.

Sposoby przygotowywania materiału badawczego, izolacji białek/metabolitów, wybór odpowiedniej techniki analitycznej.

Analiza i interpretacja wyników za pomocą programów bioinformatycznych i baz danych.

**Nazwa zajęć: Psychologiczne mechanizmy zachowań człowieka**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**



**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie podstawowe koncepcje wyjaśniające zachowanie człowieka
2. rozumie znaczenie emocji i motywacji, procesów poznawczych i wpływu społecznego jako modyfikatorów zachowania człowieka
3. zna objawy i teorie etiologiczne wybranych zaburzeń psychicznych człowieka
4. zna i rozumie udział czynników biologicznych i środowiskowych w kształtowaniu zachowań człowieka

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wyjaśnić zachowanie człowieka na podstawie wybranej koncepcji psychologicznej
2. potrafi rozpoznać objawy wybranych zaburzeń psychicznych

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest zdolny/a samodzielnie poszukiwać źródeł rzetelnej wiedzy naukowej

**Treści programowe dla zajęć:**

Paradygmaty psychologiczne wyjaśniające zachowania człowieka.

Znaczenie motywacji, emocji, procesów poznawczych i wpływu społecznego jako modyfikatorów zachowania człowieka.

Wybrane zaburzenia psychiczne: objawy i etiologia.

Interakcje czynników biologicznych i środowiskowych w badaniach zachowań człowieka.

Nazwa zajęć: **Medycyna ewolucyjna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie działanie podstawowych procesów ewolucyjnych i ich wpływu na zdrowie człowieka
2. zna mechanizmy ewolucji organizmów chorobotwórczych, w szczególności teorie koewolucji, ewolucji wirulencji i oporności na leki

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi przedstawić historię ewolucyjną człowieka, jej wpływ na międzypopulacyjne zróżnicowanie oraz na gromadzenie się szkodliwych mutacji
2. potrafi objaśnić wpływ kompromisów ewolucyjnych na zdrowie człowieka
3. potrafi przedstawić konsekwencje niedopasowania pomiędzy ewolucyjnym i współczesnym trybem życia

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawy współczesnej wersji teorii ewolucji: adaptacja jako wynik działania doboru naturalnego, zmienność genetyczna jako prostawa procesu ewolucji, rola dryfu genetycznego i historii demograficznej.

Historia ewolucyjna populacji ludzkiej ze szczególnym uwzględnieniem wyników badań genetycznych. Struktura genetyczna populacji ludzkiej, wpływ historii demograficznej na gromadzenie się szkodliwych mutacji, lokalna koewolucja populacji ludzkich z populacjami organizmów chorobotwórczych.

Ewolucja organizmów chorobotwórczych, adaptacja i ewolucja oporności na leki, koewolucja z gospodarzem i Hipoteza Czerwonej Królowej, teoria ewolucji wirulencji.

Ewolucja pasożytniczego trybu życia vs ewolucja mutualizmu/komensalizmu, mikrobiom człowieka i jego ewolucja.

Kompromisy ewolucyjne w kontekście ewolucji cech historii życiowych - ewolucyjne teorie starzenia się i ewolucja nowotworów.

Zdrowie reprodukcyjne w kontekście ewolucyjnym - dobór płciowy, konflikt płciowy, ewolucyjny konflikt rodzice-potomstwo, ewolucja menopauzy.

Nazwa zajęć: **Biologia systemowa**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. wie czym zajmuje się biologia systemowa i jak podejście tej dziedziny wiedzy różni się od podejścia stosowanego w biologii molekularnej i komórkowej oraz biochemii i opisać metody zdobywania wiedzy w biologii systemów, w szczególności metody wielkoprzepustowe; jak modele jakościowe i ilościowe wykorzystywane są w biologii systemowej

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wykorzystać narzędzia obliczeniowe używane do modelowania procesów zachodzących w komórkach i tkankach, tworzenia i analizy tych modeli (Cytoscape, Copasi, biblioteki Python i R), w tym użyć metody uczenia maszynowego w biologii systemowej; wykorzystać bazy danych używane biologii systemowej, w tym bazy modeli (na przykładzie bazy BioModels i standardu SBML)

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do pracy w między- i transdziedzinowym zespole z ekspertami o zróżnicowanej wiedzy biologicznej (w tym specjalistami z zakresu nauk społecznych czy matematycznych)

**Treści programowe dla zajęć:**

Biologia systemowa jako nowy paradygmat badań biologicznych, źródła wiedzy w biologii systemowej, źródła błędów w określeniu modelu i parametrów modelu.

Narzędzia obliczeniowe i bazy danych w biologii systemowej.

Sieci biologiczne.

Układy dynamiczne w biologii systemowej.

Praktyczna analiza modeli biologicznych, wykorzystanie specjalistycznej literatury naukowej, baz danych biologicznych i specjalistycznego oprogramowania w analizie.

Nazwa zajęć: **Kreowanie innowacji i przedsiębiorczość**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. Posiada umiejętności i wiedzę na temat poszczególnych etapów procesu projektowego, w konsekwencji potrafi dobierać odpowiednie metody badawcze w zależności od stopnia rozwoju projektu.

2. Posiada wiedzę i umiejętności z zakresu analizowania rynku oraz interpretacji otrzymanych rezultatów.

**w zakresie umiejętności:**

1. Potrafi realnie ocenić i prowadzić dyskusję na temat potencjału biznesowego, rozwiązań i odkryć, w szczególności z dziedziny nauk przyrodniczych oraz myśleć i działać przedsiębiorczo.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. Posiada umiejętności i wiedzę na temat różnych ról zespołowych i potrafi ją odnieść do własnej osoby.

**Treści programowe dla zajęć:**

Role zespołowe wg teorii dra M. Belbina.

Empatyzacja - pierwszy etap procesu projektowego według metody Design Thinking.

Definiowanie potrzeby i ideacja - kolejne elementy składowe procesu projektowego według metody Design Thinking.

Prototypowanie i testowanie - ostatnie elementy składowe procesu projektowego według metody Design Thinking.

Business Model Canvas - budowanie modelu biznesowego zgodnie z metodami A. Osterwalder'a.

Praca w zespole projektowym - wyzwania, narzędzia i przykłady.

Design prezentacji - czyli co może dać nam MS PowerPoint.

Sztuka prezentacji, czyli jak mówić, żeby być słuchanym.

Nazwa zajęć: **Projekt bioinformatyczny III**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. ma szczegółową wiedzę związaną z wybranymi zagadnieniami z zakresu biologii molekularnej i bioinformatyki.

2. zna zaawansowane metody informatyczne stosowane przy rozwiązywaniu złożonych problemów bioinformatycznych i prowadzeniu prac badawczych w wybranym obszarze biologii molekularnej

3. rozumie, że w bioinformatyce wiedza i umiejętności wymagają nieustannego rozszerzania.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi realizować projekty bioinformatyczne wymagające dobrego przygotowania teoretycznego (tzn. oparte o wybrane działy biologii molekularnej i bioinformatyki)

2. potrafi dokonać krytycznej analizy istniejących rozwiązań technicznych oraz zaproponować ich ulepszenia (usprawnienia).

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotowy/a do poszerzania umiejętności prezentacji i wizualizacji uzyskanych wyników.

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawy teoretyczne wybranego zagadnienia biologicznego lub problemu bioinformatycznego.

Aktualne metody bioinformatyczne i/lub informatyczne wykorzystywane w wybranym obszarze badawczym.

Realizacja wybranego problemu badawczego indywidualnie lub w grupie studentów.

Analiza, interpretacja, prezentacja i omówienie wyników uzyskanych w trakcie realizacji projektu.

Nazwa zajęć: **Genomika**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna podstawowy budowy i struktury genomu
2. zna i rozumie mechanizmy molekularne zaangażowane w ewolucję genomów
3. zna nowoczesne trendy w genomice

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wykorzystywać techniki wysokoprzepustowe do określenia zmienności genomowej
2. potrafi wykorzystać dane dotyczące zmienności genetycznej w całogenomowych badaniach asocjacyjnych
3. potrafi wykorzystać dane dotyczące zmienności na poziomie genomu w procesie selekcji cech fenotypowych

**Treści programowe dla zajęć:**

Budowa i struktura genomu.

Mechanizmy ewolucji genomów.

Techniki badania zmienności genomowej metodami wysokoprzepustowymi.

Metody umożliwiające powiązanie zmienności genomowej z cechami fenotypowymi.

Techniki wykorzystujące informacje na temat zmienności w skali genomowej w procesie selekcji fenotypowej.

**Nazwa zajęć: Finansowe, prawne i etyczne aspekty funkcjonowania nauki**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. zna źródła finansowania nauki w kraju i na świecie, ze szczególnym uwzględnieniem Unii Europejskiej.
2. zna i rozumie procedury pozyskiwania zewnętrznych środków finansowych na naukę i etapy przygotowania wniosku grantowego w systemie OSF
3. zna i rozumie podstawy prawne i systemy finansowania badań naukowych i działalności jednostek naukowych
4. zna i rozumie czynniki warunkujące prowadzenie rzetelnych badań naukowych z zachowaniem przestrzegania prawa własności intelektualnej oraz bioetyki
5. zna problematykę komercjalizacji badań naukowych

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi dobrać odpowiednie metody stosowane w badaniach naukowych
2. potrafi wykorzystać środki audiowizualne w celu prezentacji pomysłu badawczego
3. potrafi zastosować procedury w pozyskiwaniu środków na realizację projektu z różnych źródeł finansowania.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. potrafi opracować indywidualnie i w grupach raport z planowanych badań projektowych
2. potrafi dobrać metody badawcze aby pozostawały w zgodności z obowiązującymi aspektami bioetycznymi

**Treści programowe dla zajęć:**

Finansowanie badań podstawowych i stosowanych w Polsce z uwzględnieniem różnych typów konkursów.

Organizacja konkursów w obszarze badań naukowych oraz procedury przygotowania wniosku w systemie OSF - konkursy Perła nauki i Preludium. Proces oceny wniosków.

Finansowanie wymiany naukowej - Narodowa Agencja Wymiany Akademickiej (NAWA). Finansowanie badań naukowych w ramach konkursów Fundacji na rzecz Nauki Polskiej.

Wsparcie finansowe w ramach Unii Europejskiej - Programy Ramowe. Uwzględnienie zagadnień dotyczących pionierskich badań prowadzonych przez najlepsze zespoły indywidualne, wspólne badania w celu otwarcia nowych dziedzin innowacji, możliwości kształcenia i rozwoju kariery w ramach akcji Marii Skłodowskiej-Curie oraz możliwości dostępu do światowej klasy infrastruktur. Granty ERC.

Środki na finansowanie badań w ramach europejskich funduszy strukturalnych na poziomie krajowym i regionalnym. KRK i sieć RPK.

Zarządzanie informacją - naukowcy w mediach społecznościowych dedykowanych naukowcom oraz szerokiemu odbiorcy. Wskaźniki altmetryczne jako ślad w sieci pozostawiony przez naukowców.

Komercjalizacja badań naukowych - patenty krajowe i międzynarodowe.

Aspekty bioetyczne badań naukowych.

**Nazwa zajęć: Wykłady eksperckie**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna najnowsze osiągnięcia światowej nauki w zakresie biologii oraz bioinformatyki
2. zna i rozumie zasady prowadzenia badań naukowych

**w zakresie umiejętności:**

1. zna i potrafi stosować zasady prowadzenia dyskusji naukowej

**Treści programowe dla zajęć:**

Wykłady naukowe wygłaszane przez zaproszonych naukowców z Polski i z zagranicy o tematyce z zakresu biologii molekularnej i bioinformatyki

Nazwa zajęć: **Projekt bioinformatyczny I**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. ma szczegółową wiedzę związaną z wybranymi zagadnieniami z zakresu biologii molekularnej i bioinformatyki
2. zna zaawansowane metody informatyczne stosowane przy rozwiązywaniu złożonych problemów bioinformatycznych i prowadzeniu prac badawczych w wybranym obszarze biologii molekularnej

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi dokonać krytycznej analizy istniejących rozwiązań technicznych oraz zaproponować ich ulepszenia (usprawnienia)
2. potrafi realizować projekty bioinformatyczne wymagające dobrego przygotowania teoretycznego (tzn. oparte o wybrane działy biologii molekularnej i bioinformatyki)

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. rozumie interdyscyplinarny charakter bioinformatyki i rolę otwartego przekazywania danych i metod bioinformatycznych

**Treści programowe dla zajęć:**

Podstawy teoretyczne wybranego zagadnienia biologicznego lub problemu bioinformatycznego.

Aktualne metody bioinformatyczne i/lub informatyczne wykorzystywane w wybranym obszarze badawczym.

Realizacja wybranego problemu badawczego indywidualnie lub w grupie studentów.

Analiza, interpretacja, prezentacja i omówienie wyników uzyskanych w trakcie realizacji projektu

Nazwa zajęć: **Molekularna diagnostyka środowiska**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna główne podejścia metodyczne do analizy prób środowiskowych.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi zaproponować odpowiednie techniki molekularnej diagnostyki środowiska (MDŚ) do monitorowania poszczególnych etapów usuwania zanieczyszczeń.
2. potrafi wymienić i scharakteryzować poszczególne komponenty nieorganiczne i organiczne analizowane technikami MDŚ oraz ocenić ich przydatność w monitorowaniu środowiska.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do oceny przydatności odpowiednich technik MDŚ do wykrywania zagrożeń biologicznych i zaawansowanych metod molekularnych do badania środowiska w oparciu o analizę DNA środowiskowego (eDNA).

**Treści programowe dla zajęć:**

Metody molekularne stosowane w monitorowaniu usuwania zanieczyszczeń (pobieranie prób, analiza i sondowanie stabilnymi izotopami, metody analizy DNA, RNA, białek i fosfolipidów).

Monitorowanie procesu biodegradacji i biodegradujących zbiorowisk mikroorganizmów w oparciu o technologie wysokoprzepustowe (NGS i mikromacierze).

Charakterystyka i analiza eDNA (DNA-barcoding i DNA-metabarcoding) oraz zastosowania eDNA w badaniach środowisk wodnych, w glebie i w powietrzu.

Nazwa zajęć: **Analiza filogenetyczna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna specjalistyczną terminologię używaną w rekonstrukcji filogenezy, zasady konstruowania i testowania uzyskanych samodzielnie rezultatów różnorodnych analiz filogenetycznych oraz ewolucyjne podstawy interpretacji wyników.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi przygotować matrycę danych do analizy filogenetycznej przy zastosowaniu różnych formatów dla danych morfologicznych, molekularnych i kombinowanych.
2. potrafi zrekonstruować drzewo filogenetyczne przy pomocy różnych podejść metodologicznych, rozumiejąc zasady działania poszczególnych metod filogenetycznych i znając ich możliwości i ograniczenia.
3. potrafi przeprowadzić i zinterpretować testy statystyczne stabilności drzewa filogenetycznego.
4. potrafi analizować metodami kofilogenetycznymi i interpretować historię powstania interakcji pomiędzy obiektami biologicznymi.
5. potrafi wykryć fałszywy sygnał filogenetyczny w analizowanych danych i oszacować jego wpływ na rezultaty.
6. potrafi przeprowadzić datowaną analizę filogenetyczną posługując się danymi molekularnymi i kalibracją za pomocą danych fosylowych.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do współpracy w ramach grupy, znajdowania błędów we własnej i cudzej analizie oraz pomocy innym studentom w znalezieniu właściwego rezultatu.

**Treści programowe dla zajęć:**

Specjalistyczne terminy stosowane w rekonstrukcji filogenezy, w tym: terminologia dotycząca cech (typy homologii i homoplazji, argumentacja cech, cechy informatywne i nieinformatywne, ważenie cech), drzewa filogenetyczne (terminologia, rodzaje drzew, sposoby graficznej prezentacji), taksony naturalne i sztuczne.

Przygotowanie matrycy danych: rodzaje cech, matryce danych, formaty matryc danych, w tym NEXUS. Konstruowanie drzew filogenetycznych: koncepcja zegara molekularnego w filogenetyce, UPGMA, Neighbor-Joining, Maksymalna Parsymonia, Maximum Likelihood, Wnioskowanie Bayesowskie, procedury przyspieszające obliczenia (heurystyczna, branch-and-bound), drzewa konsensusowe.

Analiza statystyczna zrekonstruowanego drzewa: podstawowe parametry statystyczne drzew, metody próbkowania (jackknife i bootstrap), indeks Bremera.

Analiza kofilogenetyczna: podstawowe zjawiska kofilogenetyczne, procedura BPA (Brooks Parsimony Analysis) i drzewa uzgodnione (TreeMap, Jungle), statystyczna analiza rezultatów.

Źródła szumu filogenetycznego, metody jego wykrywania i unikania (Densitree, SplitTree)

Rekonstrukcja chronogramu za pomocą metod wygładzania i metod bayesowskich, kalibrowanie drzewa zultrametryzowanego punktami kalibracyjnymi (fosylia).

Nazwa zajęć: **Mikrobiologia**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna różnice w budowie pomiędzy organizmami prokariotycznymi i eukariotycznymi.
2. zna molekularne, biochemiczne i komórkowe podstawy funkcjonowania mikroorganizmów.
3. zna podstawowe zasady taksonomii mikroorganizmów oraz definiuje główne grupy systematyczne organizmów prokariotycznych.
4. zna znaczenie najważniejszych grup bakterii chorobotwórczych wraz z mechanizmami ich patogeniczności.
5. zna i rozumie mechanizmy działania antybiotyków oraz nabywania lekooporności przez drobnoustroje.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi stosować zasady bezpieczeństwa i higieny pracy w laboratorium z zagrożeniami biologicznymi oraz umie udzielić pierwszej pomocy w przypadku kontaktu z materiałem zakaźnym.
2. potrafi stosować podstawowe techniki mikroskopowe, hodowlane i molekularne w diagnostyce mikroorganizmów.

**Treści programowe dla zajęć:**

Bezpieczeństwo i higiena pracy w laboratorium z zagrożeniem biologicznym.

Budowa, zróżnicowanie morfologiczne i anatomiczne mikroorganizmów.

Wzrost, rozmnażanie i hodowla drobnoustrojów. Kontrola wzrostu drobnoustrojów.

Metabolizm drobnoustrojów.

Genetyka drobnoustrojów.

Taksonomia drobnoustrojów. Metody identyfikacji bakterii.

Chorobotwórczość bakterii. Choroby zakaźne.

Antybiotyki i chemioterapeutyki. Lekooporność bakterii.

Nazwa zajęć: **Modelowanie zjawisk ekologicznych**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna narzędzia analityczne służące do modelowania zjawisk ekologicznych

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi budować modele służące do analizy procesów dynamicznych
2. potrafi budować modele służące do analizy procesów zmiennych w przestrzeni
3. potrafi budować modele służące do badania interakcji biotycznych i mechanizmów kształtujących bogactwo gatunkowe

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do pogłębiania wiedzy, dyskusji i krytycznej oceny wiarygodności uzyskanych wyników

**Treści programowe dla zajęć:**

Przegląd metod statystycznych i symulacyjnych służących do modelowania zjawisk ekologicznych.

Analiza szeregów czasowych i metody modelowania procesów zmiennych w czasie (wzrost populacji, regulacja zależna od zagęszczenia, estymacja trendów i prognozowanie zmian liczebności populacji). Metody modelowania zmienności przestrzennej i czasoprzestrzennej (modelowanie predyktywne liczebności populacji, prognozowanie zmian zasięgów).

Metody modelowania zjawisk na poziomie osobniczym (mechanizmy współwystępowania gatunków, analiza sieci socjalnych, przekaz informacji w środowisku, modele wieloagentowe).

Nazwa zajęć: **Język angielski**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie umiejętności:**

1. tworzy ustne wypowiedzi na wybrane tematy, prezentuje i argumentuje swoje stanowisko, komentuje stanowisko innych; wykazuje chęć i potrzebę podjęcia dyskusji na tematy naukowe
2. rozumie ustne wypowiedzi wyrażane w języku angielskim
3. używa struktury gramatycznej o charakterze bardziej złożonym i wyraża się z dużą poprawnością
4. korzysta ze wzbogaconego słownictwa obejmującego terminologię formalną, akademicką oraz terminy techniczne i słownictwo naukowe stosowane w bioinformatyce
5. płynnie wygłasza krótką i profesjonalną prezentację w języku angielskim i umiejętnie prowadzi dyskusję
6. czyta ze zrozumieniem różnego rodzaju teksty w języku angielskim, w tym publikacje naukowe, analizuje ich treść i wybiera niezbędne informacje

**Treści programowe dla zajęć:**

Strategie efektywnego słuchania – obcowanie z różnymi tekstami, od nieformalnych po formalne, w tym z tekstami zawierającymi słownictwo akademickie i naukowe.

Strategie komunikacyjne - dyskusje na podstawie tekstów specjalistycznych, nagrań audiowizualnych i przygotowanych przez studentów prezentacji.

Słownictwo - wzbogacanie słownictwa i jego użycie w sytuacjach codziennych, a także formalnych, takich jak prezentacje. Zadania ze słownictwa zostaną włączone do ćwiczeń ze słuchu, pisania, mówienia i gramatyki.

Struktury gramatyczne potrzebne do wyrażania różnorodnych treści i opinii - utrwalenie poznanych reguł i struktur gramatycznych na poziomie B2+/C1 i ich praktyczne wykorzystanie w mowie, tworzeniu tekstów, w rozumieniu ze słuchu i w prezentacjach.

Strategie efektywnego czytania w celu wychwytywania niezbędnych szczegółów; definiowanie znaczenia nowych słów; tworzenie powiązań z posiadaną wiedzą.

Prezentacja – omówienie struktury prezentacji z wykorzystaniem odpowiednich narzędzi leksykalnych i gramatycznych, umiejętnie przeprowadzenie dyskusji z użyciem właściwych argumentów.

Nazwa zajęć: **Biologia strukturalna**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie jakimi zagadnieniami zajmuje się biologia strukturalna.
2. zna i rozumie podstawy fizyczne i chemiczne metod eksperymentalnych biologii strukturalnej.
3. zna i rozumie jakie informacje na temat struktury biomolekuł można otrzymać różnymi metodami eksperymentalnymi.
4. zna i rozumie zastosowanie bioinformatyki strukturalnej w analizie danych otrzymanych metodami eksperymentalnymi.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi omówić wybrane metody eksperymentalne biologii strukturalnej .
2. potrafi korzystać z podstawowych technik służących do charakteryzacji biomolekuł.

3. potrafi wykorzystać dane eksperymentalne w procesie przewidywania struktur biomolekuł.

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. jest gotów/owa do podjęcia współpracy z osobami stosującymi metody eksperymentalne w biologii strukturalnej.
2. jest gotów/owa do tego aby mógł dalej poszerzać wiedzę i umiejętności związane z biologią strukturalną.

**Treści programowe dla zajęć:**

Historia i znaczenie biologii strukturalnej, wybrane przykłady osiągnięć biologii strukturalnej .

Fizyczne podstawy metod eksperymentalnych stosowanych w biologii strukturalnej, fale i zjawiska falowe tj, interferencja, dyfrakcja, zasada dodawania fal, podstawy budowy atomu i wiązań chemicznych, wstęp do fizyki atomu (podstawy mechaniki kwantowej), oddziaływanie promieniowania z materią, techniki wytwarzania promieniowania rentgenowskiego.

Krystalografia biomolekuł, metody krystalizacji białek i kwasów nukleinowych, opis zjawiska dyfrakcji i matematycznych podstaw wyznaczania gęstości elektronowej, problem fazowy i metody rozwiązywania struktury biomolekuł.

Badania biomolekuł w roztworze za pomocą metod rozproszeniowych, opis zjawiska rozpraszania promieniowania przez biomolekuły, kształt krzywej rozpraszania na kształt biomolekuł, badania białek i kwasów nukleinowych za pomocą metody SAXS i SANS.

Podstawy spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego (NMR) i jego zastosowania do badania struktur i dynamiki biomolekuł, podstawy fizyczne zjawiska NMR, przygotowanie próbek do badań NMR, zastosowanie danych otrzymanych w eksperymencie NMR od modelowania białek.

Metody badania struktury i dynamiki pojedynczych cząsteczek.

Mikroskopia elektronowa, mikroskopia krioelektronowa, wyznaczanie struktury biomolekuł za pomocą mikroskopii elektronowej, kriotomografia elektronowa.

Dynamiczne rozpraszanie światła, dyfuzja biomolekuł w roztworze, wyznaczanie współczynnika dyfuzji i masy molekularnej biomolekuł.

Spektroskopowe metody badań biomolekuł, fizyczne podstawy spektroskopii w podczerwieni, spektroskopii dichroizmu kołowego i innych metod spektroskopowych, zastosowanie metod spektroskopowych do wyznaczania struktury drugorzędowej biomolekuł.

Nazwa zajęć: **Algorytmy uczenia maszynowego**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka w zakresie wiedzy:**

1. rozumie rolę i znaczenie uczenia, potrafi wskazać przykłady zastosowań uczenia maszynowego.
2. rozumie zagadnienie regresji liniowej i logistycznej. Rozumie metodę gradientu prostego i umie ją zaimplementować do znalezienia rozwiązania problemu regresji liniowej i logistycznej.
3. rozumie znaczenie ewaluacji algorytmów uczenia maszynowego i zna jej podstawowe metody.
4. zna podstawowe miary jakości stosowane przy ewaluacji algorytmów uczenia maszynowego.
5. rozumie zjawiska nadmiernego i niedostatecznego dopasowania i zna metody regularyzacji. Umie zapobiegać nadmiernemu i niedostatecznemu dopasowaniu w implementowanych przez siebie rozwiązaniach.
6. rozumie zasadę działania naiwnego klasyfikatora bayesowskiego.
7. rozumie zasadę działania algorytmu k najbliższych sąsiadów.
8. rozumie zasadę działania sztucznych sieci neuronowych, w tym wielowarstwowych.
9. rozumie ideę uczenia przez wzmacnianie i zna podstawowe paradygmaty uczenia przez wzmacnianie.

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wyróżnić podstawowe typy zadań uczenia maszynowego i wskazać ich przykłady.
2. Umie korzystać z podstawowych narzędzi biblioteki NumPy oraz elementów języka Python przydatnych do implementowania rozwiązań z dziedziny uczenia maszynowego.
3. umie wizualizować dane, korzystając z biblioteki Matplotlib.
4. rozumie rolę zbiorów danych: uczącego, walidacyjnego i testowego, i potrafi z nich korzystać.
5. potrafi korzystać z modułów pakietu Scikit-Learn do implementacji rozwiązań uczenia maszynowego i dokonać ewaluacji uzyskanych wyników.
6. rozumie znaczenie optymalizacji i zna jej podstawowe metody oraz umie je stosować
7. rozumie ideę uczenia nienadzorowanego i zna najważniejsze algorytmy uczenia nienadzorowanego oraz potrafi je zaimplementować.
8. potrafi wykorzystywać metodę propagacji wstecznej do uczenia wielowarstwowych sieci neuronowych.
9. potrafi implementować sieci neuronowe z wykorzystaniem biblioteki Keras.

10. rozumie zasadę działania i potrafi wskazać zastosowania rekurencyjnych sieci neuronowych.
11. rozumie zasadę działania i potrafi wskazać zastosowania splotowych sieci neuronowych.
12. rozumie zasadę działania i potrafi wskazać zastosowania modeli typu encoder-decoder.

**Treści programowe dla zajęć:**

Wprowadzenie do uczenia maszynowego. Czym jest uczenie maszynowe? Uczenie maszynowe a analiza danych. Przegląd zastosowań i metod uczenia maszynowego. Podstawowe pojęcia związane z uczeniem maszynowym.

Elementy języka Python przydatne przy implementowaniu algorytmów uczenia maszynowego (biblioteka NumPy).

Wczytywanie i prezentowanie danych. Formaty CSV i TSV. Tworzenie wykresów przy pomocy biblioteki Matplotlib.

Regresja liniowa jednej zmiennej. Funkcja kosztu. Metoda gradientu prostego. Regresja liniowa wielu zmiennych. Normalizacja danych. Implementacja regresji liniowej jednej zmiennej w języku Python przy pomocy metody gradientu prostego.

Dwuklasowa i wieloklasowa regresja logistyczna. Metoda gradientu prostego dla regresji logistycznej. Ewaluacja algorytmów uczenia maszynowego. Metodologia testowania. Zbiory uczący, testowy i walidacyjny. Walidacja krzyżowa. Miary jakości. Obserwacje odstające.

Implementacja regresji liniowej wielu zmiennych w języku Python wraz z ewaluacją otrzymanego modelu.

Implementacja regresji logistycznej.

Regresja wielomianowa. Problem nadmiernego i niedostatecznego dopasowania. Metody regularyzacji. Krzywa uczenia się. Implementacja regresji wielomianowej. Problem nadmiernego i niedostatecznego dopasowania w praktyce. Implementacja metod regularyzacji.

Naiwny klasyfikator bayesowski. Sposoby reprezentacji danych.

Algorytm k najbliższych sąsiadów.

Korzystanie z gotowych implementacji algorytmów na przykładzie pakietu scikit-learn. Implementacja naiwnego klasyfikatora bayesowskiego. Implementacja algorytmu k najbliższych sąsiadów.

Metody uczenia nienadzorowanego. Algorytm k średnich. Algorytm analizy głównych składowych.

Wprowadzenie do sieci neuronowych. Perceptron. Funkcje aktywacji. Wielowarstwowe sieci neuronowe.

Propagacja wsteczna. Uczenie wielowarstwowych sieci neuronowych.

Przegląd funkcji aktywacji. Wielowarstwowe sieci neuronowe w praktyce. Odmiany metody gradientu prostego. Algorytmy optymalizacji.

Rekurencyjne sieci neuronowe. Sieci LSTM i GRU i ich implementacja.

Splotowe sieci neuronowe i ich implementacja.

Modele encoder-decoder. Autoencoder. Word embeddings. Tłumaczenie neuronowe.

Uczenie przez wzmacnianie. Podstawy systemów dialogowych.

Nazwa zajęć: **Seminarium A: Bioinformatyka sekwencji**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie problemy badawcze w zakresie wiedzy dotyczącej przygotowywanej pracy magisterskiej

2. potrafi przedstawić kolejne etapy realizacji pracy magisterskiej w postaci prezentacji multimedialnej

3. posiada poszerzoną i ugruntowaną znajomość tematyki związanej z bioinformatyką sekwencji

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wypracować koncepcję pracy magisterskiej stosowaną do założonych celów i uwzględniającą dotychczasowe dokonania naukowe w zakresie danej problematyki

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. potrafi korzystać - z poszanowaniem praw autorskich - ze źródeł niezbędnych do oceny problematyki badawczej, opracowania teoretycznych podstaw wykonywanej pracy badawczej/koncepcyjnej, wypracowania stosownej metodyki, a także do analizy i omówienia osiągniętych wyników

2. potrafi w sposób komunikatywny zaprezentować główne tezy/aspekty pracy magisterskiej oraz w trakcie dyskusji udzielać merytorycznych odpowiedzi

3. jest gotów do poszerzania swoich horyzontów poznawczych poprzez przygotowywanie i prezentowanie wybranych zagadnień z zakresu zainteresowań badawczych oraz czynny udział w dyskusji obejmującej problematykę przedstawianą przez innych uczestników zajęć

4. jest gotów do rozpoznania potencjału komercjalizacyjnego prowadzonych badań naukowych

**Treści programowe dla zajęć:**



Przegląd literatury światowej z zakresu wybranych zagadnień związanych z bioinformatyczną analizą sekwencji biologicznych

Prezentacja tematyki pracy magisterskiej w kontekście aktualnej wiedzy i zdefiniowanie własnego problemu badawczego.

Prezentacja sposobów realizacji i dyskusja wyników badań realizowanych w ramach prac magisterskich.

Omówienie zasad przygotowywania pracy magisterskiej. Tworzenie konspektu pracy przeglądowej lub badawczej. Planowanie poszczególnych etapów jej realizacji. Omówienie struktury pracy magisterskiej, podziału treści, kolejności rozdziałów oraz zasad odwoływania się do źródeł i cytowania.

**Nazwa zajęć: Seminarium B: Bioinformatyka strukturalna i biologia systemów**

**Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia efektów uczenia się student/ka**

**w zakresie wiedzy:**

1. zna i rozumie problemy badawcze w zakresie wiedzy dotyczącej przygotowywanej pracy magisterskiej

2. potrafi przedstawić kolejne etapy realizacji pracy magisterskiej w postaci prezentacji multimedialnej

3. posiada poszerzoną i ugruntowaną znajomość tematyki związanej z bioinformatyką strukturalną i biologią systemów

**w zakresie umiejętności:**

1. potrafi wypracować koncepcję pracy magisterskiej stosowaną do założonych celów i uwzględniającą dotychczasowe dokonania naukowe w zakresie danej problematyki

**w zakresie kompetencji społecznych:**

1. potrafi korzystać - z poszanowaniem praw autorskich - ze źródeł niezbędnych do oceny problematyki badawczej, opracowania teoretycznych podstaw wykonywanej pracy badawczej/koncepcyjnej, wypracowania stosownej metodyki, a także do analizy i omówienia osiągniętych wyników

2. potrafi w sposób komunikatywny zaprezentować główne tezy/aspekty pracy magisterskiej oraz w trakcie dyskusji udzielać merytorycznych odpowiedzi

3. jest gotów do poszerzania swoich horyzontów poznawczych poprzez przygotowywanie i prezentowanie wybranych zagadnień z zakresu zainteresowań badawczych oraz czynny udział w dyskusji obejmującej problematykę przedstawianą przez innych uczestników zajęć

4. jest gotów do rozpoznania potencjału komercjalizacyjnego prowadzonych badań naukowych

**Treści programowe dla zajęć:**

Przegląd literatury światowej z zakresu wybranych zagadnień związanych z bioinformatyką strukturalną i biologią systemów

Prezentacja tematyki pracy magisterskiej w kontekście aktualnej wiedzy i zdefiniowanie własnego problemu badawczego.

Prezentacja sposobów realizacji i dyskusja wyników badań realizowanych w ramach prac magisterskich.

Omówienie zasad przygotowywania pracy magisterskiej. Tworzenie konspektu pracy przeglądowej lub badawczej. Planowanie poszczególnych etapów jej realizacji. Omówienie struktury pracy magisterskiej, podziału treści, kolejności rozdziałów oraz zasad odwoływania się do źródeł i cytowania.