

SYLABUS ZAJĘĆ

I. Informacje ogólne

1. Nazwa zajęć/przedmiotu:

Środowisko LINUX i języki skryptowe

2. Kod zajęć/przedmiotu:

3. Rodzaj zajęć/przedmiotu (obowiązkowy lub fakultatywny): **obowiązkowy**

4. Kierunek studiów: **Biologia i zdrowie człowieka, studia stacjonarne**

5. Poziom studiów (I lub II stopień, jednolite studia magisterskie): **II stopień**

6. Profil studiów (ogólnoakademicki / praktyczny): **ogólnoakademicki**

7. Rok studiów (jeśli obowiązuje): **I**

8. Rodzaje zajęć i liczba godzin (np.: 15 h W, 30 h ĆW):

Pracownia: 30 godzin

9. Liczba punktów ECTS: **3**

10. Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy, adres e-mail prowadzącego zajęcia

dr hab. Marek Żywicki, marek.zywicki@amu.edu.pl

mgr Katarzyna Markowska, katarzyna.markowska@amu.edu.pl

dr Bartosz Łabiszak, bartosz.labiszak@amu.edu.pl

11. Język wykładowy: **polski**

12. Zajęcia/przedmiot prowadzone zdalnie (e-learning) (tak [częściowo/w całości] / nie): **nie**

II. Informacje szczegółowe

1. Cele zajęć/przedmiotu

Celem modułu kształcenia jest zapoznanie studentów ze środowiskiem LINUX oraz ukształtowanie umiejętności programowania w języku Python (wraz z obsługą jego nowoczesnych bibliotek związanych z bioinformatyką), tak aby umożliwić prowadzenie badań z zastosowaniem metod biologii obliczeniowej.

Cele składowe:

1. Zapoznanie studentów ze środowiskiem LINUX oraz językami skryptowymi oraz ich zastosowaniami w naukach biologicznych
2. Przybliżenie studentom obsługi, instalacji oraz konfiguracji środowiska LINUX
3. Zapoznanie studentów z instalacją i wykorzystaniem oprogramowania bioinformatycznego w środowisku LINUX
4. Zapoznanie studentów z ważnymi bibliotekami naukowymi języka Python (tj. numpy [obliczenia numeryczne], scipy [obliczenia matematyczno-statystyczne], scikit-learn [nauczanie maszynowe], BioPython [biblioteka bioinformatyczna], matplotlib [wizualizacja danych])
5. Ukształtowanie umiejętności projektowania i tworzenia własnych skryptów pozwalających automatyzować analizy bioinformatyczne.

2. Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności oraz kompetencji społecznych (jeśli obowiązują)
Podstawowa wiedza z zakresu obsługi systemów komputerowych.

3. Efekty uczenia się (EU) dla zajęć i odniesienie do efektów uczenia się (EK) dla kierunku studiów

Symbol EU dla zajęć/przedmiotu	Po zakończeniu zajęć i potwierdzeniu osiągnięcia EU student/ka:	Symbole EK dla kierunku studiów
Efekt_01	Potrafi samodzielnie zainstalować, skonfigurować i korzystać ze środowiska LINUX na komputerze	K_W01, K_U02, K_U03
Efekt_02	Potrafi samodzielnie zainstalować i uruchomić programy bioinformatyczne korzystając z wiersza poleceń	K_W01, K_U02, K_U03
Efekt_03	Potrafi przeprowadzić podstawową obróbkę danych tekstowych korzystając z narzędzi systemowych LINUX	K_W01, K_U02
Efekt_04	Potrafi samodzielnie utworzyć program lub napisać skrypt w języku Python przeznaczony do rozwiązania	K_W01, K_U02, K_U03, K_U08, K_K01, K_K03

	danego problemu obliczeniowego związanego z biologią molekularną (wykonanie projektu)	
Efekt_05	Potrafi praktycznie zastosować biblioteki naukowe języka Python	K_W01, K_U02, K_U03
Efekt_06	Jest gotów do kreatywnego podejścia do rozwiązywania problemów programistycznych (aktywność na zajęciach)	K_W01, K_U02, K_U03, K_K01
Efekt_07	Aktywnie uczestniczy w realizacji projektów badawczych związanych z wielkoskalowymi analizami bioinformatycznymi	K_W01, K_U02, K_U08, K_K01, K_U03

4. Treści programowe zapewniające uzyskanie efektów uczenia się (EU) z odniesieniem do odpowiednich efektów uczenia się (EU) dla zajęć/przedmiotu

Treści programowe dla zajęć/przedmiotu	Symbol EU dla zajęć/przedmiotu
Wprowadzenie do środowiska LINUX i podstawy obsługi systemu	Efekt_01
Instalacji i konfiguracja środowiska LINUX	Efekt_01
Sposoby instalacji i uruchamiania oprogramowania bioinformatycznego w środowisku LINUX	Efekt_02
Wykorzystanie narzędzi systemowych LINUX (np. grep, awk itp.) do pracy z danymi biologicznymi	Efekt_03
Wprowadzenie do języka Python. Podstawowe typy obiektów w języku Python (liczby, łańcuchy znaków, listy, krótki, słowniki, zbiory) oraz instrukcje (instrukcje if, pętle while i for, iteracje, składanie list)	Efekt_04
Sposoby modularyzacji skryptów i importowanie bibliotek	Efekt_04, Efekt_05
Wybrane naukowe biblioteki języka Python. Omówienie ważniejszych elementów bibliotek standardowych. Wprowadzenie do matematycznej biblioteki numpy (m.in. służącej do operowania na tablicach i macierzach), matematyczno-statystycznego oprogramowania scipy oraz biblioteki scikit-learn przeznaczonej do prowadzenia badań z użyciem "uczenia maszynowego"	Efekt_05
Praktyczne zastosowanie biblioteki BioPython na rzeczywistych danych biologicznych - m.in. zarządzanie formatami rekordów sekwencji (np.: FASTA, GenBank, UniProt) oraz wynikowymi formatami analiz bioinformatycznych (np.: dopasowania dwóch/wielu sekwencji, wyniki programu BLAST, drzewa filogenetyczne)	Efekt_06, Efekt_07

5. Zalecana literatura

6. Informacja o tym, gdzie można zapoznać się z materiałami do zajęć, instrukcjami do laboratorium, itp.

Wszystkie zadania realizowane w ramach prowadzonego modułu będą na bieżąco udostępniane w serwisie GitHub, który umożliwi zdalne prowadzenie projektu programistycznego, jednocześnie przez wiele osób. Każdy uczestnik kursu (w tym także prowadzący) będzie miał całodobowy wgląd w projekt oraz możliwość pracy "na żywo" nad funkcjonalnościami projektu (ulepszanie kodu pisanego na zajęciach, tworzenie nowych funkcjonalności, nadsyłanie własnych rozwiązań i propozycji oraz porównywanie własnych pomysłów z rozwiązaniami programistycznymi nadesłanymi przez innych uczestników).

III. Informacje dodatkowe

1. Metody i formy prowadzenia zajęć umożliwiające osiągnięcie założonych EK (proszę wskazać z proponowanych metod właściwe dla opisywanego modułu lub/i zaproponować inne)

Metody i formy prowadzenia zajęć	
Wykład z prezentacją multimedialną wybranych zagadnień	
Wykład konwersatoryjny	
Wykład problemowy	
Dyskusja	
Praca z tekstem	
Metoda analizy przypadków	
Uczenie problemowe (Problem-based learning)	
Gra dydaktyczna/symulacyjna	
Rozwiązywanie zadań (np.: obliczeniowych, artystycznych, praktycznych)	TAK
Metoda ćwiczeniowa	TAK
Metoda laboratoryjna	
Metoda badawcza (dociekania naukowego)	
Metoda warsztatowa	TAK
Metoda projektu	TAK
Pokaz i obserwacja	
Demonstracje dźwiękowe i/lub video	
Metody aktywizujące (np.: „burza mózgów”, technika analizy SWOT, technika drzewka decyzyjnego, metoda „kuli śniegowej”, konstruowanie „map myśli”)	
Praca w grupach	TAK

2. Sposoby oceniania stopnia osiągnięcia EK (proszę wskazać z proponowanych sposobów właściwe dla danego EK lub/i zaproponować inne)

Sposoby oceniania	Symbole EK dla modułu zajęć/przedmiotu						
	EK_1	EK_2	EK_3	EK_4	EK_5	EK_6	EK_7
Egzamin pisemny							
Egzamin ustny							
Egzamin z „otwartą książką”							
Kolokwium pisemne							
Kolokwium ustne							
Test							
Projekt	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK	TAK
Esej							
Raport							
Prezentacja multimedialna							
Egzamin praktyczny (obserwacja wykonawstwa)							
Portfolio							

3. Nakład pracy studenta i punkty ECTS

Forma aktywności	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności
Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem	30
Praca własna studenta:	
Przygotowanie do zajęć	20
Czytanie wskazanej literatury	
Przygotowanie pracy pisemnej, raportu, prezentacji, demonstracji, itp.	
Przygotowanie projektu	30
Przygotowanie pracy semestralnej	
Przygotowanie do egzaminu / zaliczenia	10
SUMA GODZIN	90
LICZBA PUNKTÓW ECTS DLA MODUŁU ZAJĘĆ/PRZEDMIOTU	3

4. Kryteria oceniania wg skali stosowanej w UAM

bardzo dobry (bdb; 5,0): Student swobodnie korzysta ze środowiska LINUX oraz jego narzędzi systemowych i bioinformatycznych, potrafi je poprawnie zainstalować, skonfigurować i dostosować do swoich potrzeb. Potrafi tworzyć zaawansowane skrypty w języku Python z wykorzystaniem bibliotek naukowych oraz zastosować je do analizy danych biologicznych.

dobry plus (+db; 4,5): Student potrafi korzystać ze środowiska LINUX oraz jego narzędzi systemowych i bioinformatycznych, potrafi je poprawnie zainstalować i skonfigurować. Potrafi tworzyć skrypty w języku Python z wykorzystaniem bibliotek naukowych oraz zastosować je do analizy danych biologicznych.

dobry (db; 4,0): Student potrafi korzystać ze środowiska LINUX oraz jego narzędzi systemowych i bioinformatycznych, potrafi je poprawnie zainstalować. Potrafi tworzyć skrypty w języku Python z wykorzystaniem najważniejszych bibliotek naukowych oraz zastosować je do analizy danych biologicznych.

dostateczny plus (+dst; 3,5): Student potrafi korzystać ze środowiska LINUX oraz podstawowych narzędzi systemowych i bioinformatycznych, potrafi je poprawnie zainstalować. Potrafi tworzyć skrypty w języku Python w stopniu ograniczonym, jednak z wykorzystaniem najważniejszych bibliotek naukowych oraz zastosować je do analizy danych biologicznych.

dostateczny (dst; 3,0): Student potrafi w ograniczonym zakresie korzystać ze środowiska LINUX oraz jego narzędzi systemowych i bioinformatycznych, potrafi je poprawnie zainstalować w podstawowy sposób. Potrafi tworzyć proste skrypty w języku Python z ograniczonym wykorzystaniem bibliotek naukowych oraz w ograniczonym stopniu zastosować je do analizy danych biologicznych.

niedostateczny (ndst; 2,0): Student nie potrafi samodzielnie korzystać ze środowiska LINUX oraz jego narzędzi. Nie potrafi samodzielnie stworzyć skryptu w języku Python i zastosować go do analizy danych biologicznych.