

**Karta przedmiotu**

Nazwa i kod przedmiotu	Techniki eksploracji danych wielowymiarowych, PG_00193526						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2027/2028		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie	Grupa zajęć			Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	2	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	4	Liczba punktów ECTS			4.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			egzamin		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Chemii						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	dr inż. Karolina Jagiełło					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	45.0	0.0	0.0	60
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów		Udział w konsultacjach		Praca własna studenta	RAZEM
	Liczba godzin pracy studenta	60		0.0		40.0	100
Cel przedmiotu	<ol style="list-style-type: none"> <li>Zaprezentowanie studentom zakresu możliwości zastosowania technik eksploracji danych wielowymiarowych w bioinformatyce, w szczególności w analizie danych genomicznych, transkryptomomicznych, proteomicznych i metabolomicznych oraz chemomicznych.</li> <li>Zdobycie przez studentów umiejętności posługiwania się najważniejszymi technik eksploracji danych wielowymiarowych (poprawny dobór metody, wykonywanie analiz i interpretacja uzyskanych wyników).</li> <li>Zapoznanie się przez studentów z możliwościami bibliotek Python w zakresie technik eksploracji danych wielowymiarowych.</li> </ol>						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[BIOINL3_U03] Stosuje metody matematyczne i statystyczne do opisu zjawisk i analizy danych; posiada umiejętność analizy danych w profesjonalnych bazach danych wykorzystywanych w bioinformatyce	Student potrafi poprawnie sformułować problem badawczy (pytanie badawcze) i dobrać do niego odpowiednią technikę eksploracji danych wielowymiarowych. Student potrafi poprawnie przeprowadzić analizę struktury wewnętrznej zbioru danych wielowymiarowych w oparciu o techniki eksploracji danych przy wykorzystaniu narzędzi dostępnych dla języka Python i samodzielnie zaprogramowane skrypty oraz poprawnie zinterpretować uzyskane wyniki. Student potrafi poprawnie zaprezentować (w formie pisemnego sprawozdania) przeprowadzone analizy oraz przedyskutować uzyskane wyniki.	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU3] opracowanie tekstowe/praca pisemna [SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[BIOINL3_W03] Ma wiedzę z zakresu metod matematycznych i statystycznych pozwalającą na opis i modelowanie procesów i zjawisk biologicznych	Student zna podstawy teoretyczne (algorytm działania) najważniejszych technik eksploracji danych wielowymiarowych. Student wskaże przykłady zastosowania technik eksploracji danych wielowymiarowych w bioinformatyce. Student zna biblioteki Python wykorzystywane w eksploracji danych wielowymiarowych.	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/dyskusja [SW2] prezentacja/projekt/referat/raport
Treści przedmiotu	<p>Specyfika dużych zbiorów danych (ang. big data); Archiwizacja danych wielowymiarowych; Repozytoria danych; Import/Eksport danych; Metody wstępnej kontroli i preprocessingu danych; Wizualizacja danych wielowymiarowych; Podobieństwo obiektów w wielowymiarowej przestrzeni cech; Metody wyrażania podobieństwa pomiędzy obiektami oraz pomiędzy obiektami i skupieniami obiektów (odległość euklidesowa, Czebyszewa, miejska, dopełniająca, metoda pojedynczego i pełnego wiązania); Problem redukcji wymiarowości zbioru danych; Redundancja informacji; Obiekty odbiegające w przestrzeni wielowymiarowej; Algorytmy uczenia maszynowego bez nadzoru: jedno- i dwukierunkowa hierarchiczna analiza skupień (HCA), analiza głównych składowych (PCA), Metody wyboru zmiennych i obiektów reprezentatywnych.</p> <p>Na zajęciach szczególny nacisk położony zostanie na praktyczne zastosowanie technik eksploracji danych wielowymiarowych w analizie danych genomicznych, transkryptomowych, metabolomicznych oraz chemomicznych (porównanie cech strukturalnych i właściwości związków chemicznych w dużych zbiorach). Modelowanie ścieżek transkryptomowych i metabolomicznych. Identyfikacja markerów chorobowych na poziomie molekularnym w oparciu o wielowymiarowe dane proteomiczne i metabolomiczne. Zastosowanie technik wielowymiarowej eksploracji danych w medycynie spersonalizowanej. Tworzenie skryptów w Python. Łączenie dostępnych narzędzi (R, Python, KNIME).</p>		
Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>wymagania wstępne: rachunek macierzowy, zagadnienie własne, znajomość środowiska Linux, podstawy programowania w języku Python;</p> <p>wymagania formalne:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Metody matematyczne dla bioinformatyki</li> <li>• Informatyka - wstęp</li> <li>• Metody numeryczne dla bioinformatyków</li> <li>• Python z podstawami algorytmiki</li> <li>• Analiza statystyczna i rachunek prawdopodobieństwa dla bioinformatyków</li> </ul>		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	egzamin	51.0%	100.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):  A.1. wykorzystywana podczas zajęć <ul style="list-style-type: none"> <li>• Skrypt do ćwiczeń laboratoryjnych przygotowywany przez pracowników Zespołu Chemometrii Środowiska</li> </ul> A.2. studiowana samodzielnie przez studenta <ul style="list-style-type: none"> <li>• J. Mazerski: Podstawy chemometrii. Gdańsk: Wydawnictwo Politechniki Gdańskiej, 2000</li> <li>• M. Gągolewski: Programowanie w języku R. PWN, 2016</li> <li>• M. Lutz: Python. Wprowadzenie. Helion, 2002</li> <li>• S. Raschka: Python. Uczenie maszynowe. Helion, 2016</li> </ul>
	Uzupełniająca lista lektur	publikacje naukowe
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.