

---

XIV Konferencja Administratorów Szkolnych Sieci Komputerowych  
Nowy Tomyśl, 6-8 kwietnia 2018 roku



# Algorytmika i programowanie - korzyści dla dyrektorów i nauczycieli

dr Anna Beata Kwiatkowska  
WMiI UMK, RiE

---

# Przemiany?

---

Bezpowrotnie minął czas rąk do pracy i siły roboczej –  
nastał czas silnych umysłów i kreatywnych geniuszy.

**Włodzimierz Marciński**  
*prezes Polskiego Towarzystwa Informatycznego*



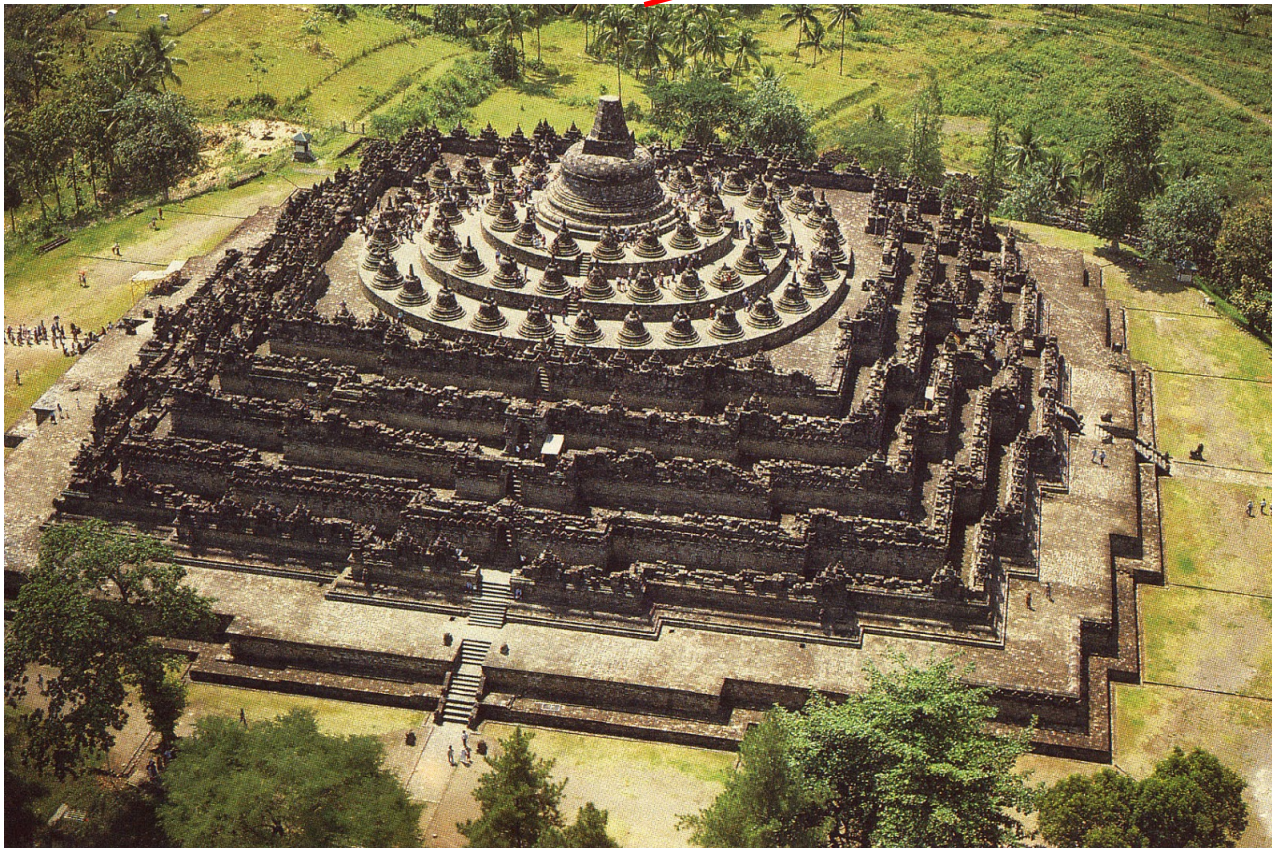
# Rozdział 1

---

Informatyka:  
przeszłość, teraźniejszość i przyszłość...

# Powtórzenia, rekurencja

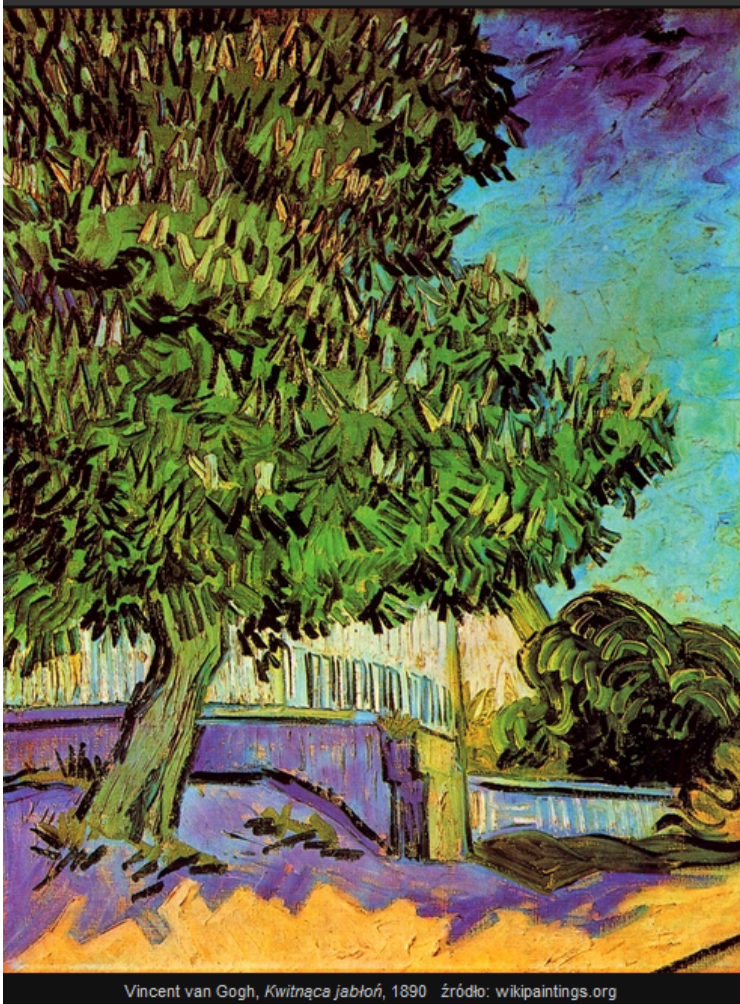
Największa buddyjska świątynia  
Borobudur na Jawie, ok. 800 r.n.e.





# Piękno informatyki - fraktale

---



Vincent van Gogh, *Kwitnąca jabłoń*, 1890 źródło: [wikipaintings.org](http://wikipaintings.org)

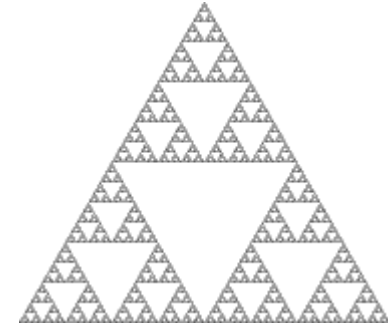


Frantisek Kupka, *Kwitnąca jabłoń*, 1906 źródło: [wikipaintings.org](http://wikipaintings.org)

# Zobaczyć nieskończoność...

---

- Wacław Sierpiński (XIX/XX wiek) rozszerzył konstrukcję zbioru Cantora.
- Trójkąt Sierpińskiego, algorytm
  - Boki trójkąta równobocznego dzielimy na dwie części. Punkty podziału łączymy tworząc kolejny trójkąt, który wyrzucamy.
  - Postępujemy tak samo z pozostałymi trójkątami.



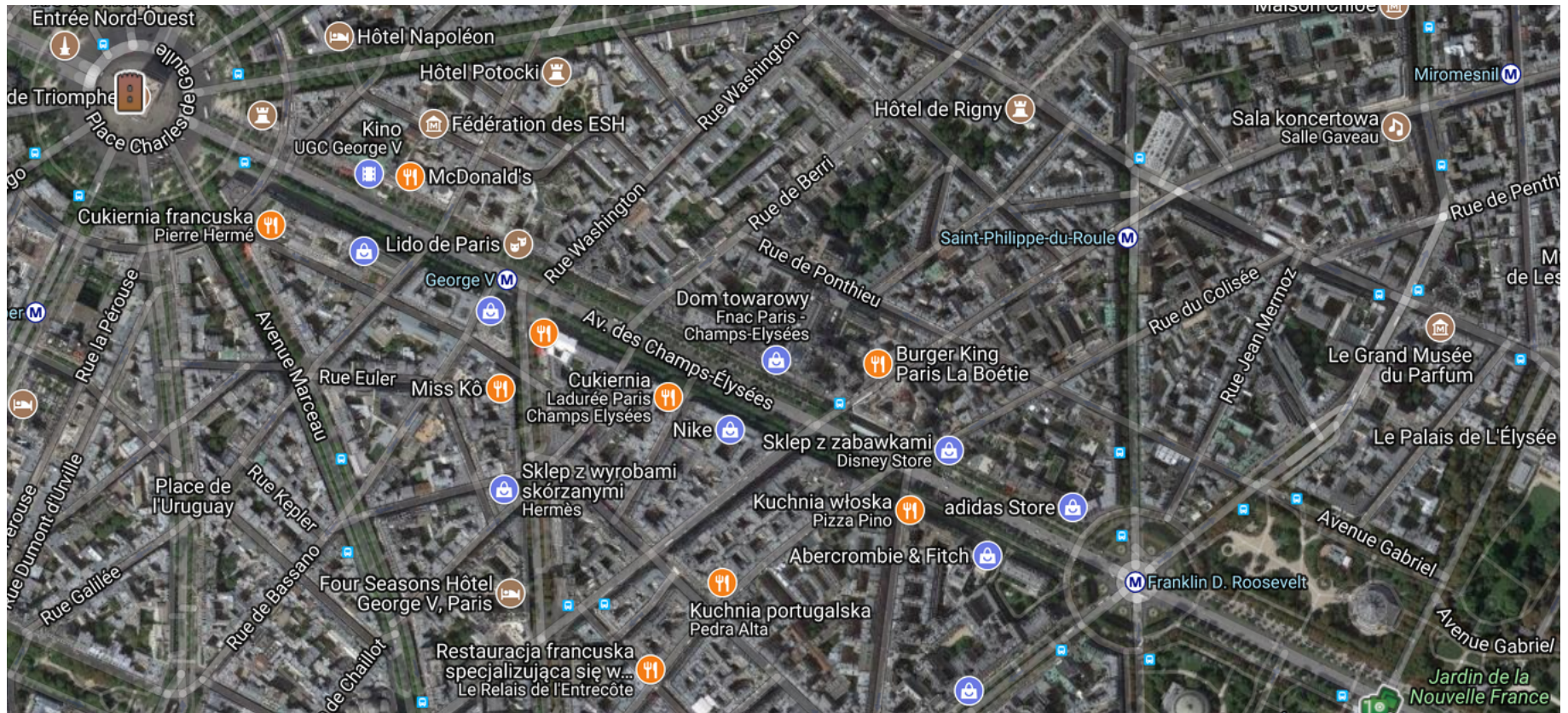
*Fraktal jest sposobem widzenia  
nieskończoności okiem duszy.*

*James Gleick*



# Grafy miast?

## □ Współczesny Paryż, Pola Elizejskie



# Graf - modelowanie

---

$G(V, E)$  –  $V$  jest niepustym zbiorem wierzchołków,  $E$  jest zbiorem krawędzi, przy czym  $E \subseteq \{\{v, u\}: v, u \in V\}$ .

Przyjmujemy się oznaczenia:

$|V| = n$  liczba wierzchołków,

$|E| = m$  liczba krawędzi

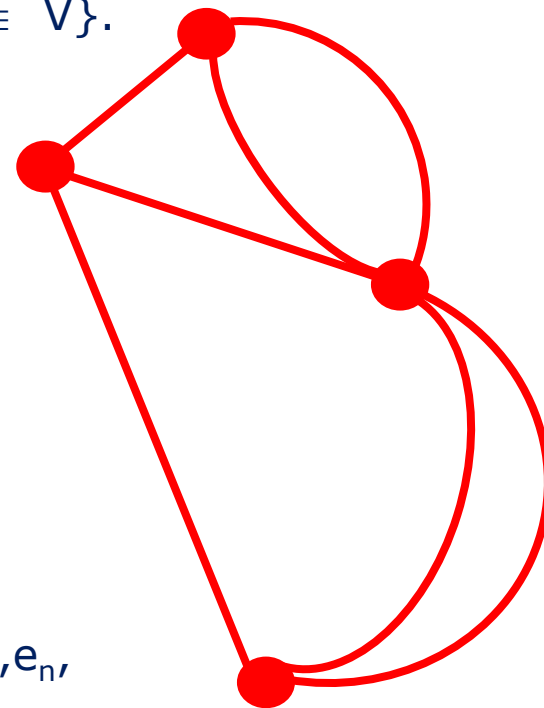
$N(v)$  – zbiór sąsiadów wierzchołka  $v$   
(krawędzi incydentnych)

$|N(v)| = \text{deg}(v)$  – stopień wierzchołka  $v$

**Drogą o długości  $n$**  nazywamy ciąg krawędzi  $e_1, e_2, \dots, e_n$ ,  
gdzie  $e_i \in E$  dla  $1 \leq i \leq n$ , wraz z ciągiem wierzchołków  $v_1, v_2, \dots, v_{n+1}$ ,  
gdzie  $v_i \in V$  dla  $1 \leq i \leq n+1$ , kolejno połączonych z tymi krawędziami.

**Cykl** to droga zamknięta, w której wszystkie krawędzie są różne.

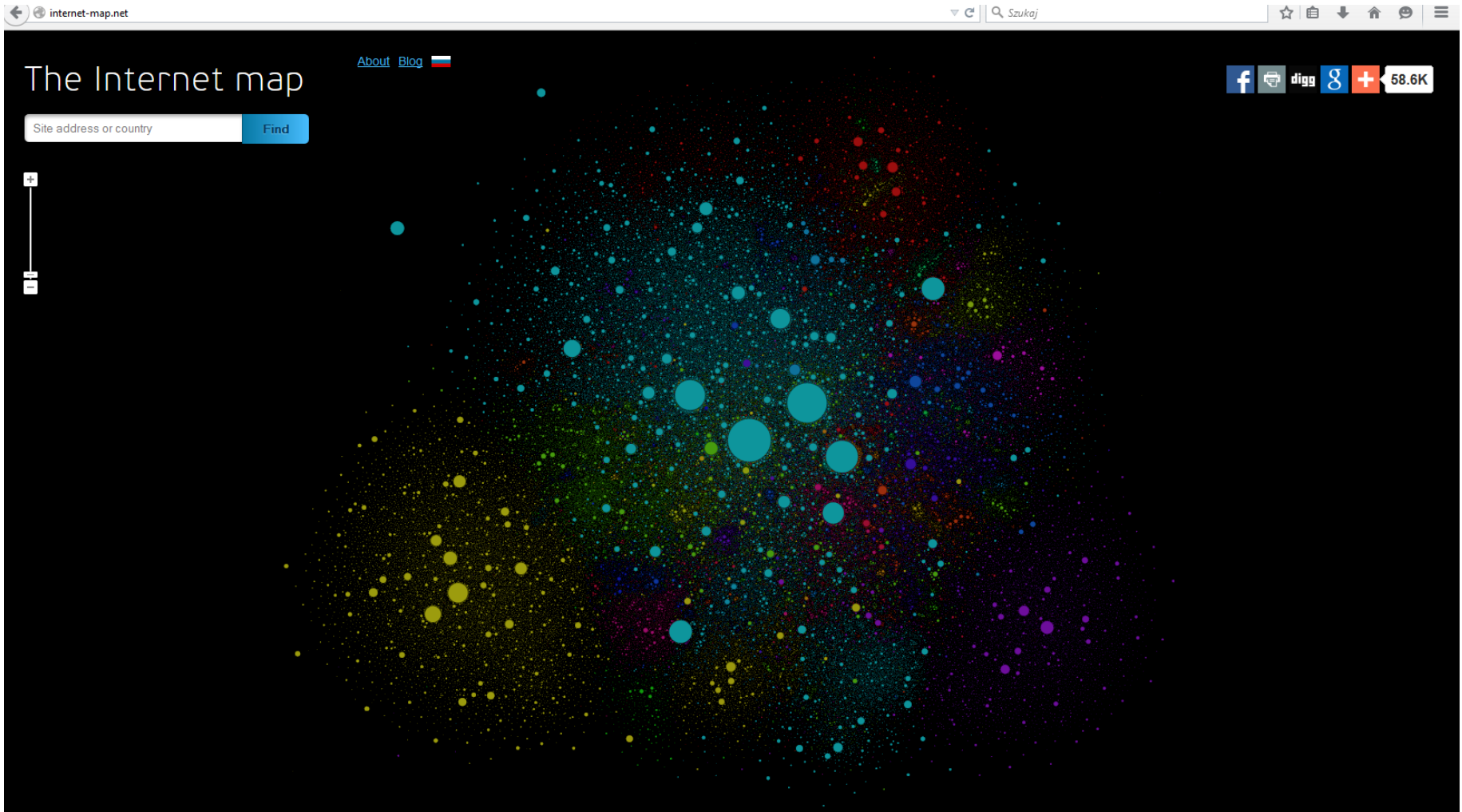
---





# XXI wiek - nowe przestrzenie dla edukacji

---







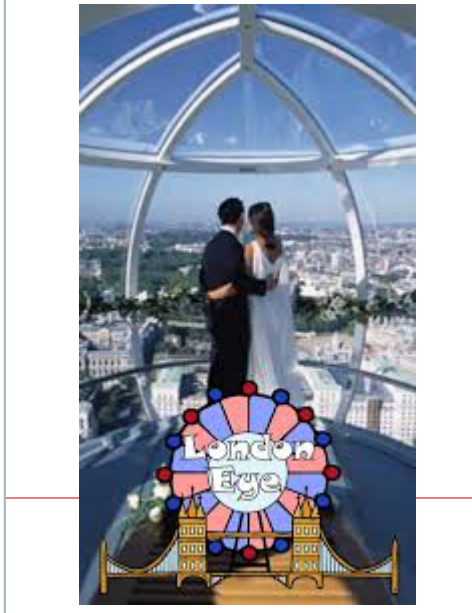
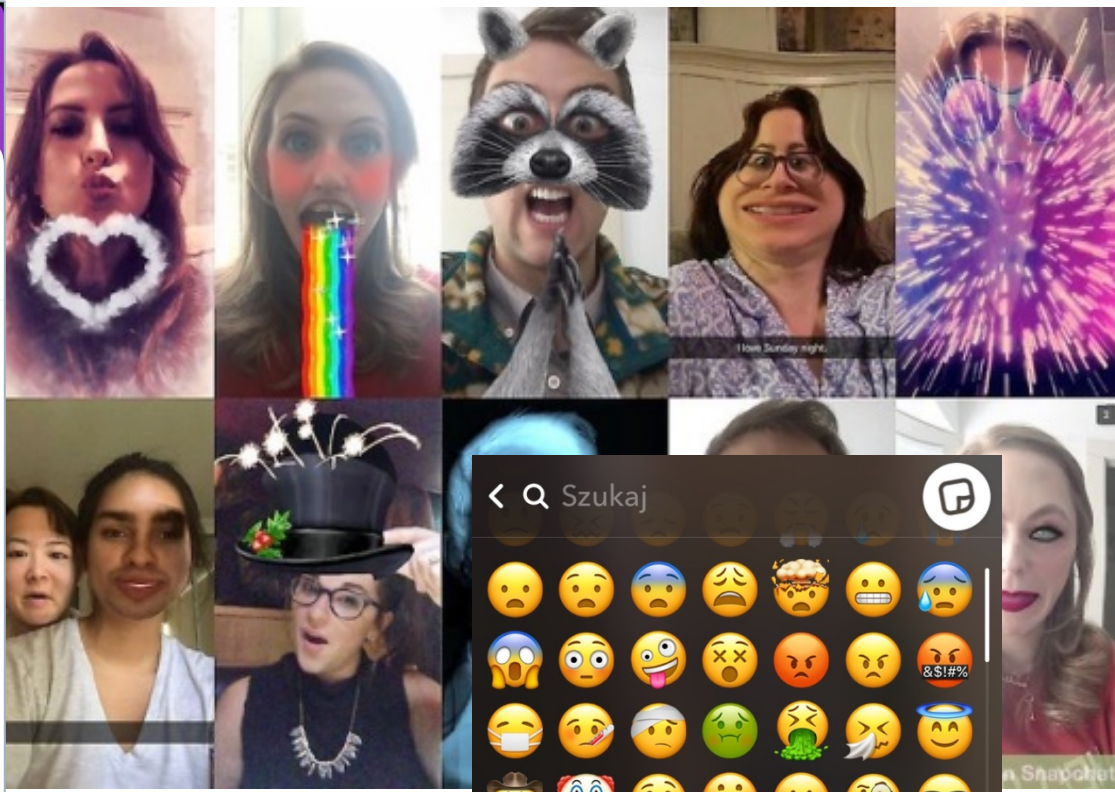
ABK 4/23/18

fot. bank zdjęć [shutterstock.com](https://www.shutterstock.com)

My Story Stuknij, by dodać Snapa!

OSTATNIE AKTUALIZACJE

- JARED LETO 8 min temu
- ellen 10 min temu
- Jakobkosel 12 min temu
- kylizzlemynizzl 18 min temu
- 20 min temu
- raksq 30 min temu
- ciocialiestyle 48 min temu
- log paul



Szukaj

😬	😬	😬	😬	🤢	😬	😬
😬	😬	😬	😬	😬	😬	😬
😬	😬	😬	😬	😬	😬	😬
😬	😬	😬	😬	😬	😬	😬
😬	😬	😬	😬	😬	😬	😬
😬	😬	😬	😬	😬	😬	😬
😬	😬	😬	😬	😬	😬	😬
😬	😬	😬	😬	😬	😬	😬
😬	😬	😬	😬	😬	😬	😬
😬	😬	😬	😬	😬	😬	😬
⌚	★	✂	😊	😊		

# Środowisko cyfrowe – co zrobić, by wykorzystać je jak najlepiej?

---

Środowisko cyfrowe jest placem, miejscem spotkań, gdzie można wyrazić sobie serdeczność, albo zadać rany, nawiązać pożyteczną dyskusję lub dokonać linczu moralnego.

*Orędzie na 50. Dzień Środków Społecznego Przekazu,  
Watykan, 24 stycznia 2016 roku FRANCISCUS*

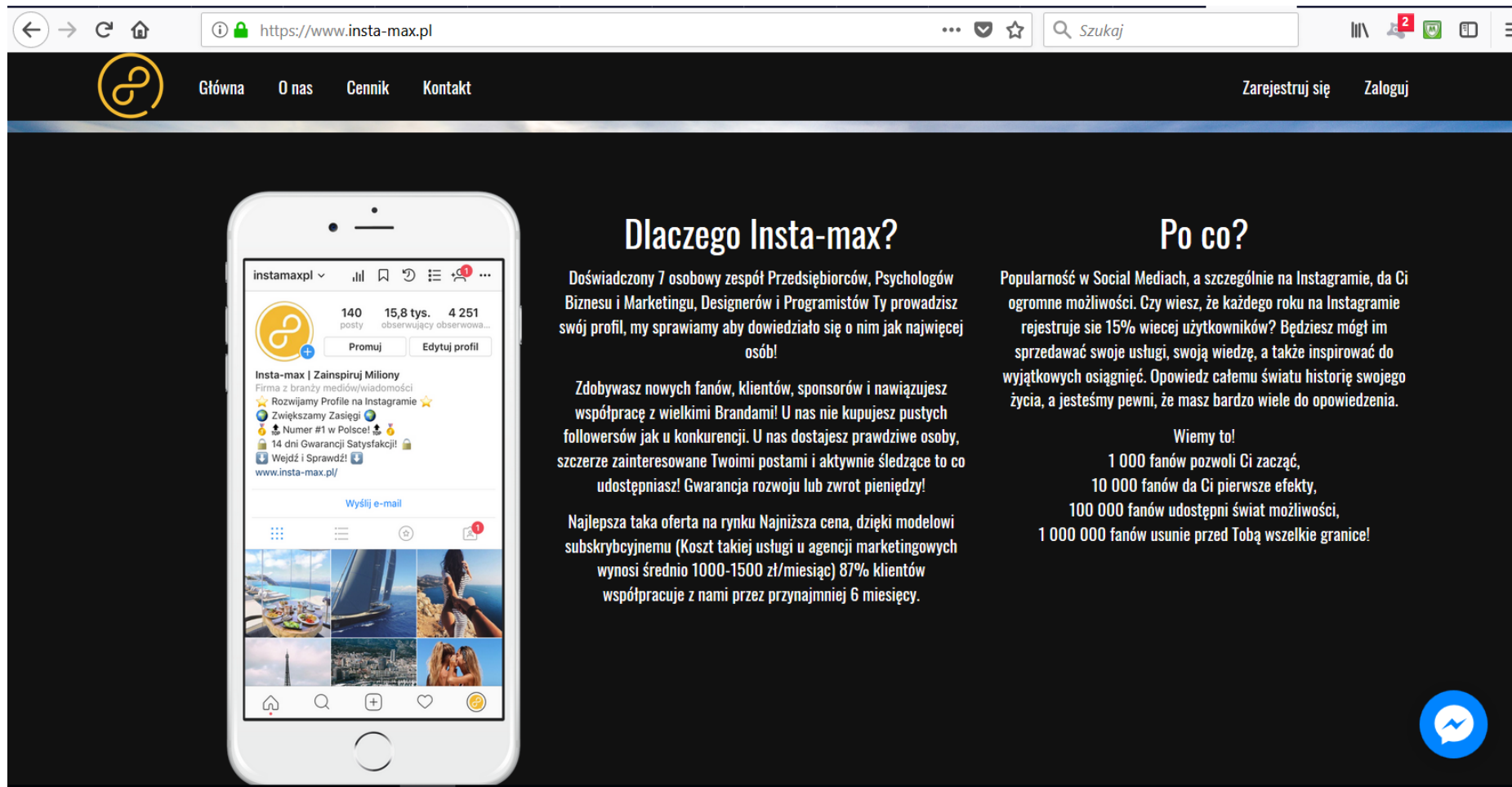
# Rozdział 10

---

Młodzi badacze i ich pomysły



# Młodzieży nowe sposoby na pracę



The image shows a browser window displaying the website <https://www.insta-max.pl>. The website has a dark header with a logo on the left and navigation links: Główna, O nas, Cennik, Kontakt, Zarejestruj się, and Zaloguj. Below the header, there is a large section with a smartphone displaying the Insta-max mobile app interface. The app shows the profile of 'instamaxpl' with 140 posts, 15,8 thousand followers, and 4,251 people watching stories. The profile bio reads: 'Insta-max | Zainspiruj Miliony. Firma z branży mediów/wiadomości. Rozwijamy Profile na Instagramie. Zwiększamy Zasięgi. Numer #1 w Polsce! 14 dni Gwarancji Satisfakcji! Wejdź i Sprawdź! www.insta-max.pl'. Below the bio are several images showing lifestyle and travel scenes. To the right of the smartphone, there are two columns of text in Polish, each with a heading.

## Dlaczego Insta-max?

Doświadczony 7 osobowy zespół Przedsiębiorców, Psychologów Biznesu i Marketingu, Designerów i Programistów Ty prowadzisz swój profil, my sprawiamy aby dowiedziało się o nim jak najwięcej osób!

Zdobywasz nowych fanów, klientów, sponsorów i nawiązujesz współpracę z wielkimi Brandami! U nas nie kupujesz pustych followersów jak u konkurencji. U nas dostajesz prawdziwe osoby, szczerze zainteresowane Twoimi postami i aktywnie śledzące to co udostępniasz! Gwarancja rozwoju lub zwrot pieniędzy!

Najlepsza taka oferta na rynku. Najniższa cena, dzięki modelowi subskrybcyjnemu (Koszt takiej usługi w agencji marketingowych wynosi średnio 1000-1500 zł/miesiąc) 87% klientów współpracuje z nami przez przynajmniej 6 miesięcy.

## Po co?

Popularność w Social Mediach, a szczególnie na Instagramie, da Ci ogromne możliwości. Czy wiesz, że każdego roku na Instagramie rejestruje się 15% więcej użytkowników? Będziesz mógł im sprzedawać swoje usługi, swoją wiedzę, a także inspirować do wyjątkowych osiągnięć. Opowiedz całemu światu historię swojego życia, a jesteśmy pewni, że masz bardzo wiele do opowiedzenia.

Wiemy to!

- 1 000 fanów pozwoli Ci zacząć,
- 10 000 fanów da Ci pierwsze efekty,
- 100 000 fanów udostępni świat możliwości,
- 1 000 000 fanów usunie przed Tobą wszelkie granice!



# Młodzieży nowe sposoby na pracę



PL

Funkcje

Cennik

Blog

Kariera

Zaloguj się

WYPRÓBUJ ZA DARMO

## Odkryj prawdę zapisaną w danych

Platforma do słuchania, analizowania  
i zarządzania reputacją marek online

WYPRÓBUJ ZA DARMO

Laureat rankingu Deloitte Fast 50 2017

50

Technology **Fast 50**  
2017 CENTRAL EUROPE  
Deloitte.

Marki, które monitorują internetowe dyskusje z SentiOne



# Eksperymenty młodzieży



**E(x)plory**

◀ O E(X)PLORY ▶ KONKURS ▶ WYDARZENIA ▶ ROZWÓJ PROJEKTÓW ▶ AKTUALNOŚCI ▶ KONTAKT



## RUSZAJĄ STAŻE BADAWCZO-ROZWOJOWE E(X)PLORY 2018!



Serdecznie zapraszamy Młodych Naukowców w wieku 13-20 lat do udziału w Stażach Badawczo-Rozwojowych E(x)plory. Program stażowy skierowany jest zarówno do uczestników Konkursu Naukowego E(x)plory, jak i wszystkich innych pasjonatów nauki. Na zgłoszenia czekamy do 30 kwietnia 2018. Udział w Stażach B...

## PRZED NAMI REGIONALNY FESTIWAL NAUKOWY E(X)PLORY W BYDGOSZCZY!



Komu ewolucja dała skrzydła, iluzje optyczne i naukowe spojrzenie na diamenty – to główne atrakcje nadchodzącego Festiwalu Naukowego E(x)plory w Bydgoszczy. Oprócz wydarzeń towarzyszących młodzi naukowcy, autorzy najlepszych projektów ze świata nauki i technologii, będą walczyć o miejsca w finale Ko...

## ZNAMY FINALISTÓW KONKURSU NAUKOWEGO E(X)PLORY WE WROCŁAWIU!



Za nami druga edycja Regionalnego Festiwalu Naukowego E(x)plory, podczas którego młodzi naukowcy walczyli o miejsca w finale Konkursu Naukowego E(x)plory. Akredytacje do kolejnego etapu otrzymało 8 projektów. Ich autorzy pojedą na finałowe rozgrywki do Gdyni. Wydarzenie odbyło się 16 marca we Wrocławiu...

# Pomysły młodzieży i informatyka

---

- ❑ Robot, którego zadaniem jest ułatwienie człowiekowi pracy przy pobieraniu próbek wody z akwenów.
  - ❑ Robot o wyglądzie kraba przeznaczony dla dzieci w wieku 5-10 lat, ma wspierać kształcenie najmłodszych pokoleń i być asystentem dzieci w dziedzinie matematyki.
  - ❑ Poznanie działania naszego mózgu i wykorzystanie wiedzy do połączenia zagadnień z dziedzin neurobiologii i robotyki.
  - ❑ Opracowanie zestawu na pracownię elektroniki cyfrowej składającego się z wykonanych praktycznie urządzeń i zestawu ćwiczeń.
  - ❑ Badanie zastosowania podstawowych funkcyj logicznych do realizacji multiplekserów i demultiplekserów oraz multipleksowego systemu przesyłania danych z wykorzystaniem symulacji w programie Electronics Workbench.
  - ❑ Łazik marsjański - projekt powstały przede wszystkim w celach edukacyjnych.
-

## Polski konkurs CanSat

CanSat to międzynarodowy konkurs, który zachęca uczniów do samodzielnego konstruowania minisatelitów i prowadzenia za ich pomocą badań naukowych. Trzecie ogólnopolskie finały konkursu CanSat, organizowane przez Biuro Edukacji Kosmicznej ESERO-Polska, odbędą się już w kwietniu 2018



**cansats in europe  
2018 polish competition**

[Zobacz relację z edycji 2017.](#)

- [1. Czym jest CanSat?](#)
- [2. Edycja 2018](#)
- [3. Etapy konkursu](#)
- [4. Informacje organizacyjne](#)
- [5. Polskie sukcesy](#)

## Czym jest CanSat

### O ESERO

Europejskie Biuro Edukacji Kosmicznej ESERO to projekt edukacyjny Europejskiej Agencji Kosmicznej ESA. Celem projektu jest inspirowanie młodych ludzi do wybierania w przyszłości zawodów związanych z inżynierią i technologią.

[Dowiedz się więcej](#)

### Newsletter

Informacje o warsztatach, aktualnościach oraz innych wydarzeniach dla nauczycieli.

# A jednak przemiany!

---

Bezpowrotnie minął czas rąk do pracy i siły roboczej –  
nastał czas silnych umysłów i kreatywnych geniuszy.

**Włodzimierz Marciński**  
*prezes Polskiego Towarzystwa Informatycznego*





# Rozdział 11

---

## Nowoczesna informatyka w szkole

# Informatyka, myślenie komputacyjne

---

1. Informatyka = dziedzina nauki (computer science) + dynamicznie rozwijające się technologie
  - wspiera i integruje się ze wszystkimi dziedzinami
  - wyposaża je w podstawowe metody i narzędzia
2. Myślenie komputacyjne\* (computational thinking)
  - umiejętność rozwiązywania problemów z różnych dziedzin
  - świadome wykorzystanie metod i narzędzi informatycznych

\* Myślenie komputacyjne (Jeannette Wing, 2006) określa użyteczne postawy i umiejętności, jakie każdy, nie tylko informatyk, powinien starać się wykształcić i stosować.

---

# Informatyka dla wszystkich i przez wszystkie lata w szkole

---

<b>Kształcenie podstawowe</b>	<b>Liczba godzin</b>
Szkoła podstawowa	8 * 1 godzina
Szkoła ponadpodstawowa	3 * 1 godzina

<b>Kształcenie rozszerzone</b>	<b>Liczba godzin</b>
Szkoła podstawowa	8 * 1 godzina
Szkoła ponadpodstawowa	3 + 6 = 9 godzin

---

## Propozycja

### Rady ds. Informatyzacji Edukacji przy Ministrze Edukacji Narodowej dotycząca sprawy włączenia informatyki do grupy przedmiotów do wyboru na egzaminie ósmoklasisty

Nawiązując do stanowisk Rady ds. Informatyzacji Edukacji przy MEN z dnia 20 stycznia 2017 roku oraz 14 grudnia 2017 roku, Rada podtrzymuje propozycję włączenie informatyki do grupy przedmiotów do wyboru na egzaminie ósmoklasisty.

Biorąc pod uwagę uzasadnienia ze stanowisk Rady oraz uwagi Centralnej Komisji Egzaminacyjnej przedstawione Radzie podczas posiedzenia w dniu 1 lutego 2018 roku, proponujemy niezwłoczną modyfikacją zapisów w Przepisach wprowadzających ustawę – Prawo oświatowe, w następujących punktach (**zmiany wyróżniono pismem pogrubionym**):

81) w art. 44zu:

a) ust. 1. otrzymuje brzmienie:

„1. Egzamin ósmoklasisty jest przeprowadzany w formie pisemnej, **a w przypadku informatyki przeprowadzany z wykorzystaniem komputera**”,

b) ust. 3. otrzymują brzmienie:

„3. Egzamin ósmoklasisty obejmuje następujące przedmioty obowiązkowe:

- 1) język polski;
- 2) matematykę;
- 3) język obcy nowożytny;
- 4) jeden przedmiot do wyboru spośród przedmiotów: biologia, chemia, fizyka, geografia lub historia, **a od roku 2025 również informatyka.**

Wprowadzenie informatyki do puli przedmiotów do wyboru od roku 2025 będzie dotyczyło uczniów, którzy przejdą ośmioletni cykl kształcenia w oparciu o nową podstawę programową informatyki.

Jednocześnie proponujemy zobowiązać odpowiednimi przepisami Centralną Komisję Egzaminacyjną do przeprowadzenia w szkołach w latach 2022, 2023, 2024 **próbne go egzaminu ósmoklasisty z informatyki**, który pozwoli na wypracowanie najlepszej formuły egzaminu oraz prawidłowe przygotowanie się szkół do tej zmiany. Rada deklaruje pomoc merytoryczną przy opracowaniu arkuszy egzaminacyjnych na potrzebę egzaminów próbnych.



Prof. dr hab. Jan Madey  
Przewodniczący Rady

# Obszary informatyki w edukacji

---





# Rewolucyjne zmiany w edukacji informatycznej na wszystkich etapach edukacji

---

## Ustępująca podstawa – poziom podstawowy

I-III	VI-IV	Gimnazjum 	LO, T, Z 
-------	-------	---	---

## Nowa podstawa – poziom podstawowy

I-III 	VI-IV 	VII-VIII 	LO, T, B1, B2 
--	--	--	--

 rozwiązywanie problemów/algorytmika

 programowanie wizualne

 sterowanie urządzeniami (robotyka)

 programowanie tekstowe

 projektowanie 3D

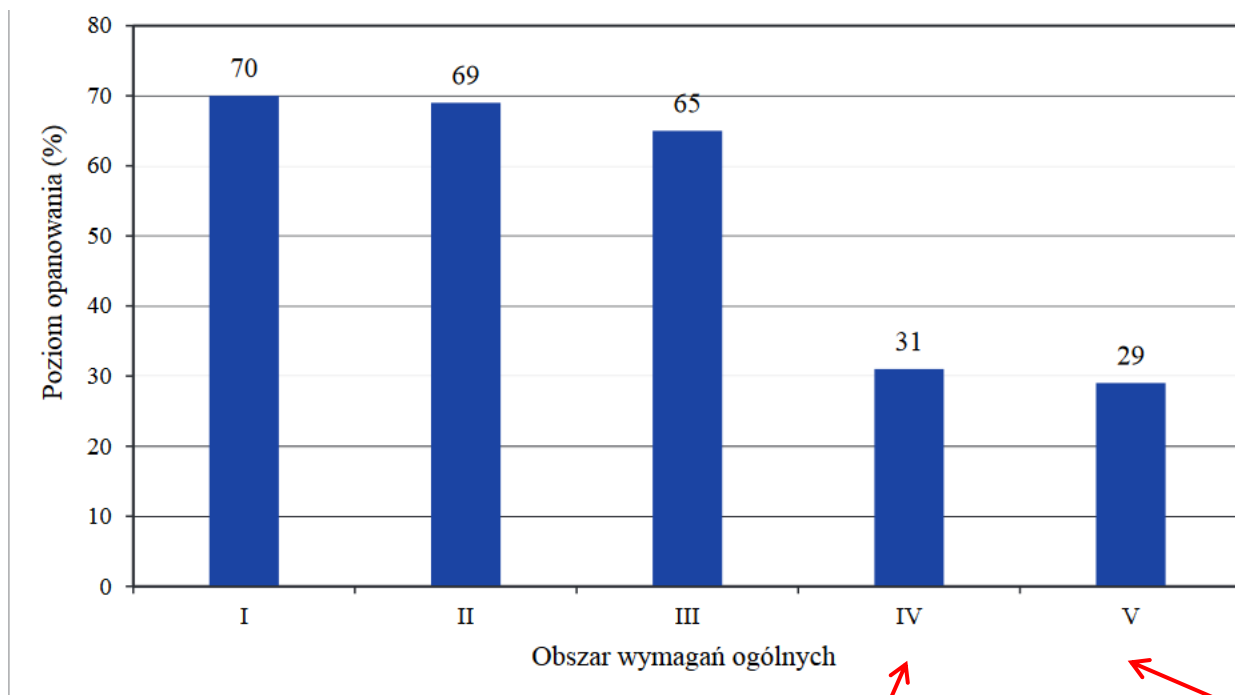
 bezpieczeństwo, aspekty prawne

# Informatyka a inne przedmioty

## - wsparcie dla Królowej Nauk

---

Analiza wyników egzaminu maturalnego z matematyki w roku 2017 **poziom podstawowy** – źródło CKE



Użycie i tworzenie strategii (m.in. planimetria i stereometria)

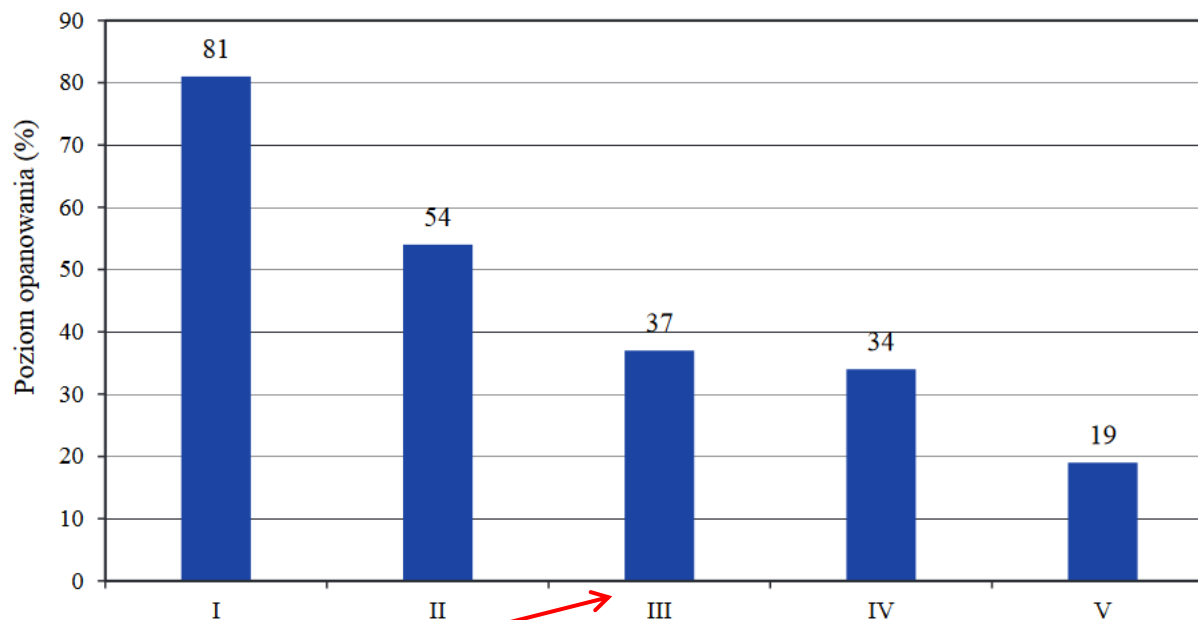
Rozumowanie i argumentacja

# Informatyka a inne przedmioty

## - wsparcie dla Królowej Nauk

---

Analiza wyników egzaminu maturalnego z matematyki w roku 2017 **poziom rozszerzony** – źródło CKE



Modelowanie matematyczne

Obszar wymagań ogólnych

Użycie i tworzenie strategii (m.in. planimetria i stereometria)

Rozumowanie i argumentacja

# Rozdział 100

---

Serce informatyki:  
algorytmika i programowanie

# Algorytm, algorytmika

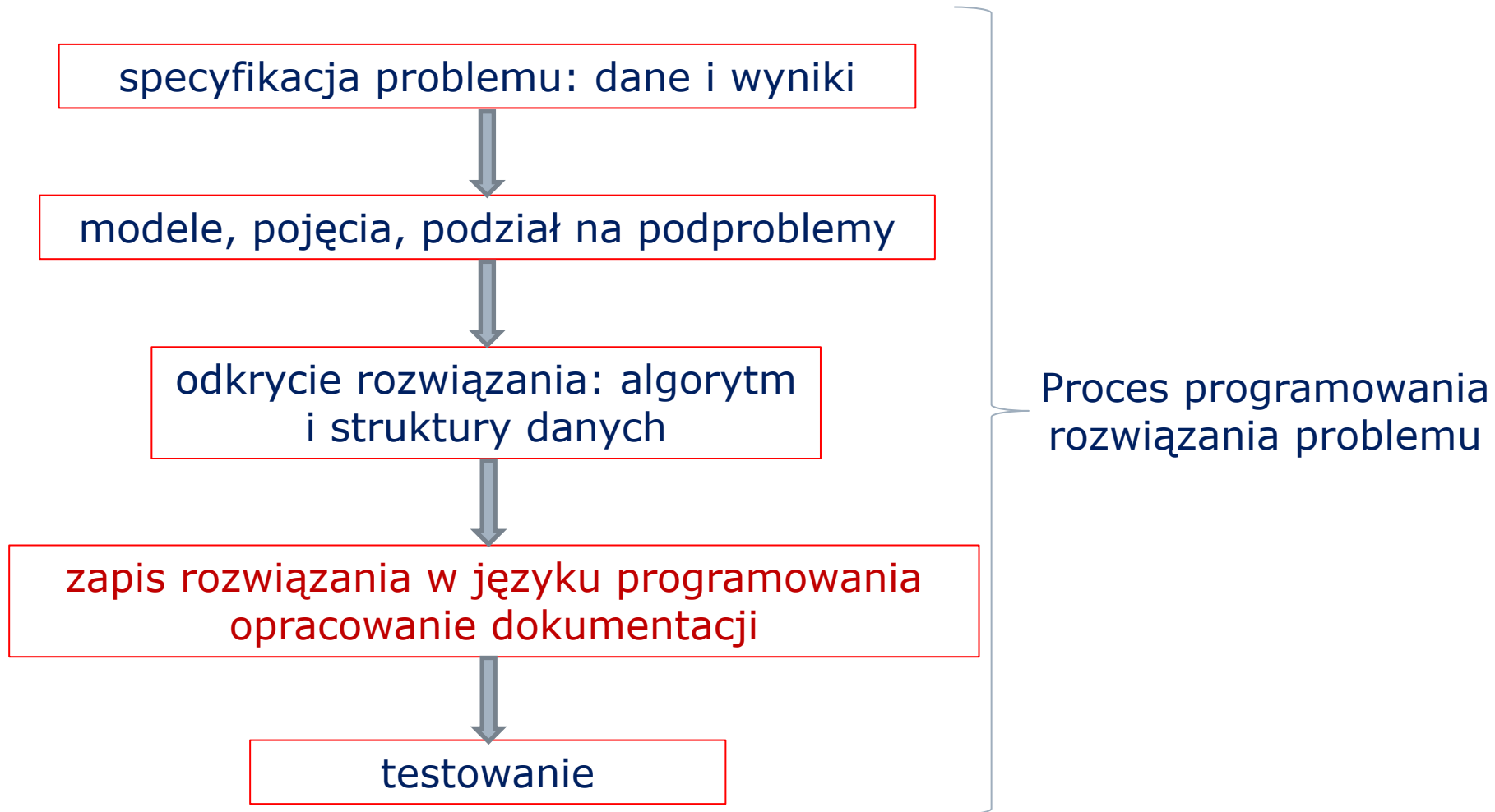
---

- Słowo **algorytm** pochodzi od nazwiska Muhammad ibn Musa al-Chorezmi arabskiego matematyka i astronoma (VIII/IX wiek, algebra, system dziesiętny, posługiwanie się zerem).
  - **Algorytm** to opis krok po kroku rozwiązania problemu, od danych do wyniku.
  - Własności algorytmu:
    - kroki są zapisane jednoznacznie,
    - liczba kroków jest skończona.
  - Sposoby zapisu algorytmów:
    - język naturalny, lista kroków,
    - schemat blokowy,
    - pseudokod, język programowania.
  - **Algorytmika** – nauka o algorytmach i strukturach danych.
-



# Rozwiązywanie problemów – podejście informatyczne

---



# i... programowanie!

---

- Ma początek dużo wcześniej **przed włączeniem komputera**.
  - Jest rozumiane jako **informatyczne podejście** do rozwiązywania problemów z różnych dziedzin, charakteryzujące się następującymi etapami działania:
  - Zaprogramowanie rozwiązanie **nie musi wiązać się z napisaniem programu** w języku programowania, może być realizowane z wykorzystaniem aplikacji użytkowych i innego oprogramowania dla urządzenia cyfrowego.
  - Poszczególne **etapy nie muszą być realizowane w jednym czasie**. Model jest docelowy jest efektem wszystkich etapów kształcenia.
-

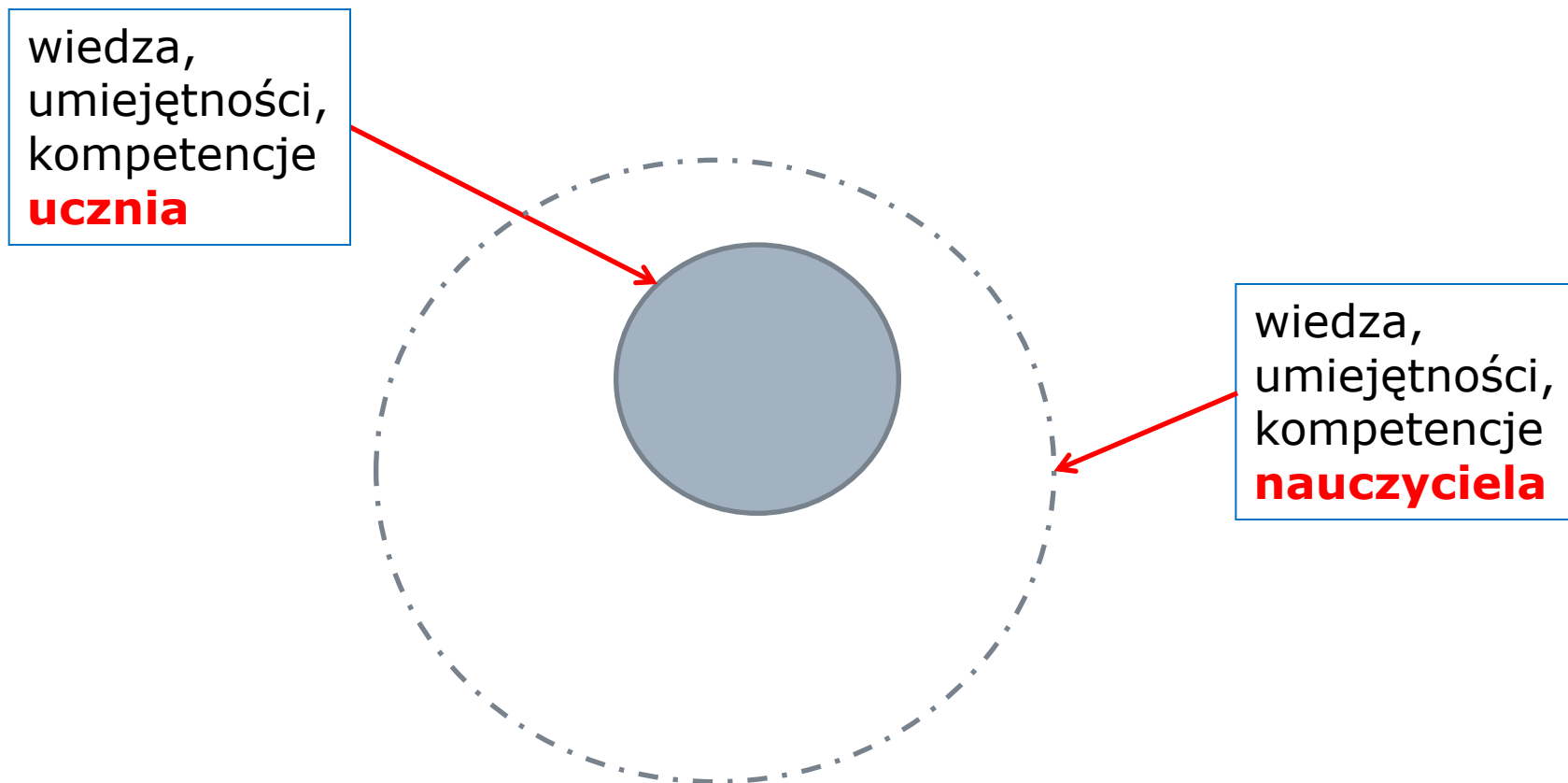
# Rozdział 101

---

Nowa podstawa informatyki -  
korzyści dla nauczyciela informatyki

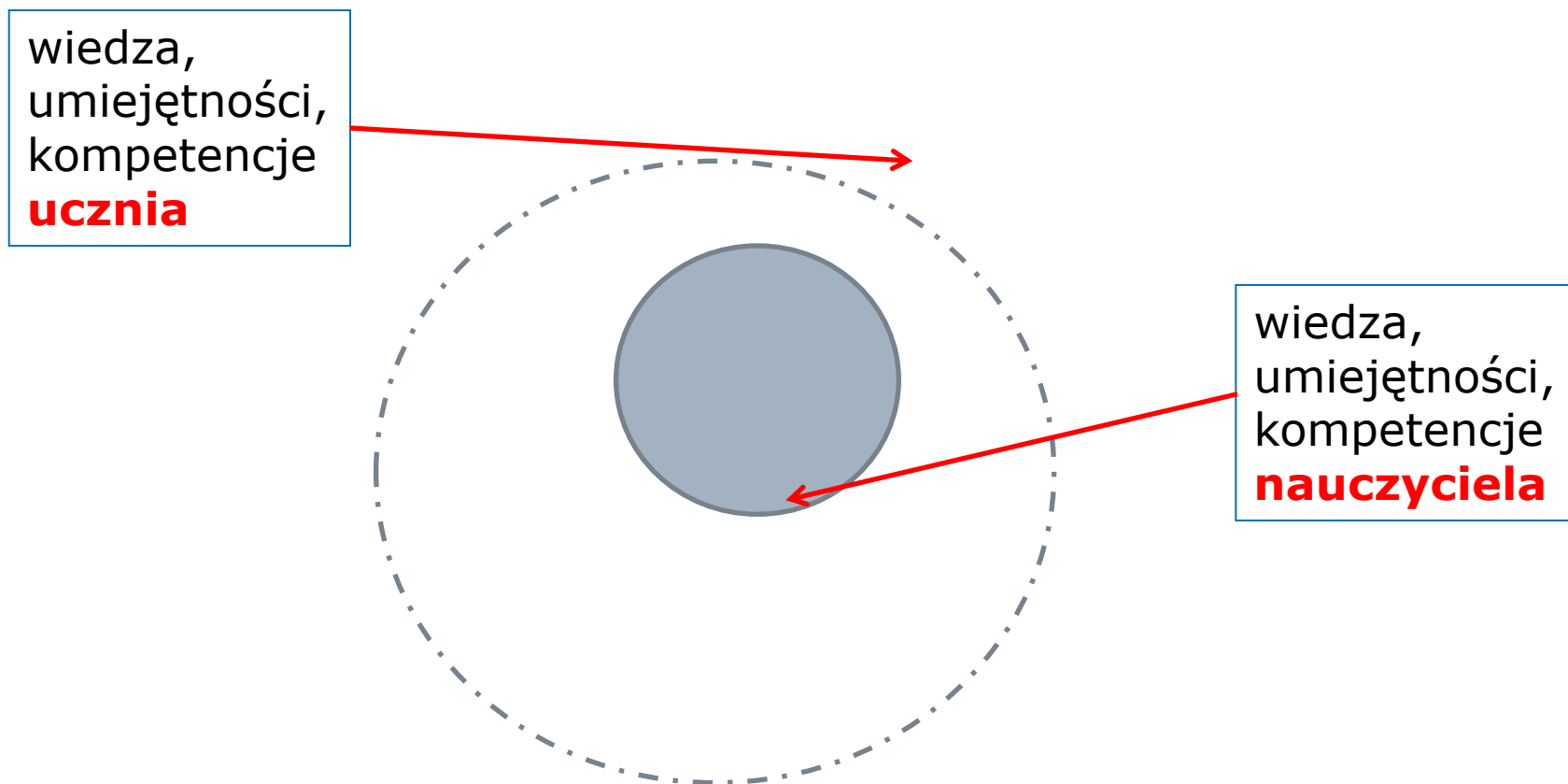
# Autorytet nauczyciela informatyki

---



# Autorytet nauczyciela informatyki

---





# Centrum Mistrzostwa Informatycznego

## projekt MC

---

- **Działania 3.2 „Innowacyjne rozwiązania na rzecz aktywizacji cyfrowej” w ramach Programu Operacyjnego Polska Cyfrowa na lata 2014-2020**, poziom finansowania do 50 mln zł
  
  - Finansowanie i prowadzenie szkoleń dla nauczycieli z algorytmiki i programowania – 700 nauczycieli, z podziałem na szkoły podstawowe i ponadpodstawowe:
    - I etap – dla początkujących
    - II etap – dla mistrzów
  
  - Finansowanie kół zainteresowań z algorytmiki i programowania – 7000 uczniów, z podziałem na szkoły podstawowe, klasy IV-VIII, szkoły ponadpodstawowe
    - Koła dla początkujących programistów
    - Koła dla olimpijczyków
-

# Pomocne książki



JACEK TOMASIEWICZ

## ZAPRZYJAŹNIJ SIĘ Z ALGORYTMAMI



**PRZEWODNIK DLA POCZĄTKUJĄCYCH  
I ŚREDNIOZAAWANSOWANYCH**

 PWN

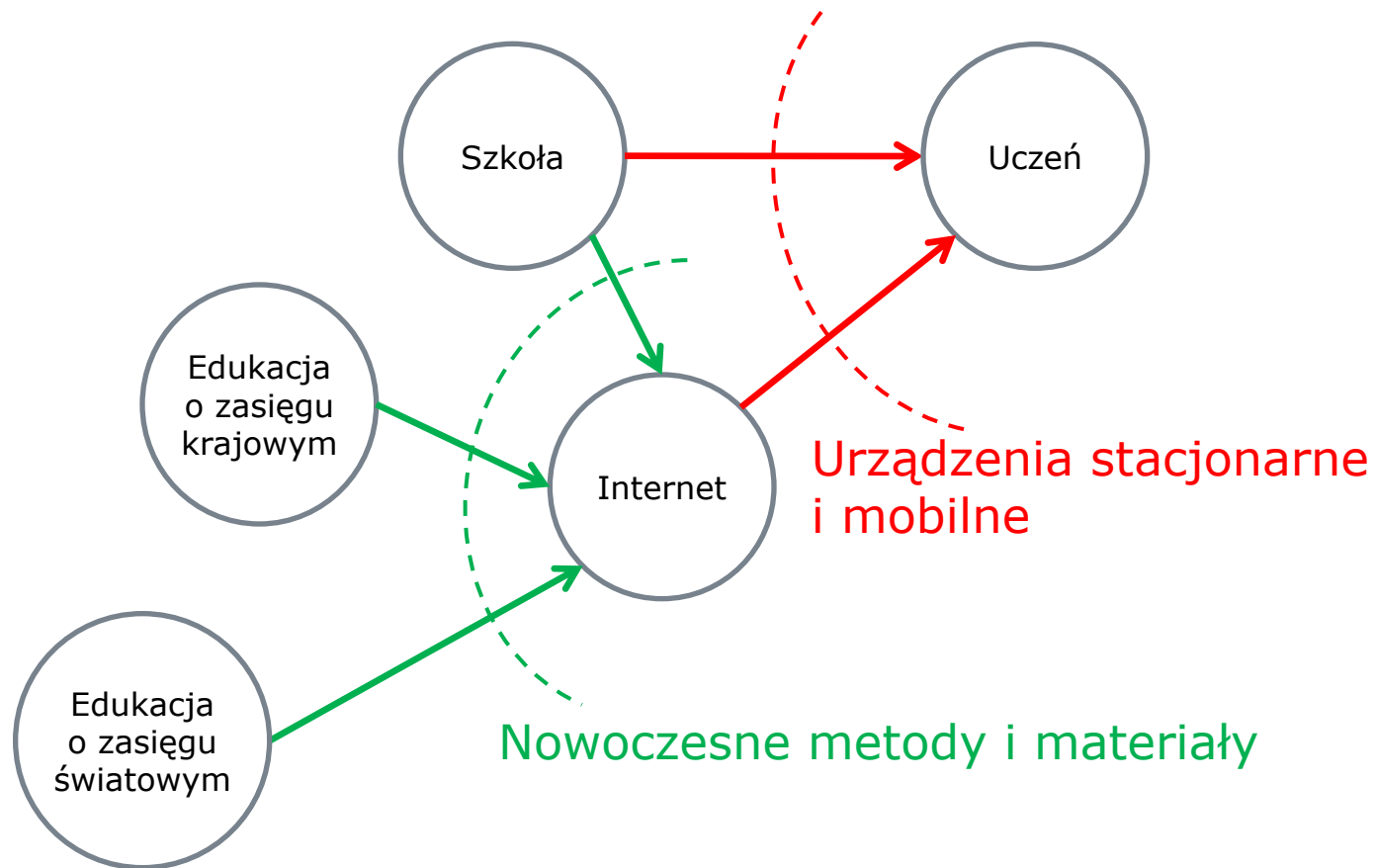
# Rozdział 110

---

Nowa podstawa informatyki -  
korzyści dla każdego nauczyciela

# Autorytet nauczyciela każdego przedmiotu

---



Aspekty prawne i cyberbezpieczeństwo!

---

# Rozwój kompetencji cyfrowych wszystkich nauczycieli – projekt MEN

---

- Projekt w opracowaniu skierowany do wszystkich nauczycieli
  - **Działania 3.1 „Działania szkoleniowe na rzecz rozwoju kompetencji cyfrowych” Programu Operacyjnego Polska Cyfrowa na lata 2014-2020,**
  - Poziom finansowania do 50 mln zł, proporcjonalnie do liczby nauczycieli w województwach
  - Szkolenia dla około 90 tys. nauczycieli
  - Zakres: nowoczesne metody i materiały, e-zasoby
-



# Rozdział 111

---

Nowa podstawa informatyki -  
korzyści dla dyrektora szkoły

# Korzyści dla szkoły, uczniów i rodziców

---

- ❑ Wsparcie informatyką rozwoju logicznego myślenia – spodziewane wyższe wyniki z egzaminów (np. matematyka)
  - ❑ Przenikanie informatyki wraz z myśleniem komputacyjnym do wszystkich przedmiotów – nowe metody, narzędzia, wzrost atrakcyjności lekcji, nowoczesne zagadnienia
  - ❑ Nauczyciele przygotowani do pracy z uczniami uzdolnionymi informatycznie
  - ❑ Szkolenia dla nauczycieli informatyki w zakresie algorytmiki i programowania - przygotowanie do prawidłowej realizacji podstawy
  - ❑ Szkolenia dla nauczycieli wszystkich przedmiotów w zakresie kreatywnego stosowania TIK w nauczaniu
  - ❑ Materiały metodyczne na platformach zdalnego nauczania – nowa oferta dla uczniów w nowych przestrzeniach edukacji
  - ❑ Robotyka, innowacyjność, ciekawa szkoła
-

# Rozdział z informatyczną \*

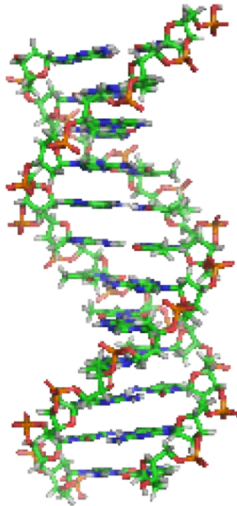
---

Krótki kurs  
algorytmiki i programowania  
dla dyrektorów i nauczycieli

# Przykład problemu - podobieństwo organizmów

---

Sekwencje nukleotydowe DNA (fragment genu)



# Podobieństwo organizmów

---

## Sekwencje nukleotydowe DNA (fragment genu)



trzy nukleotydy  
to aminokwas

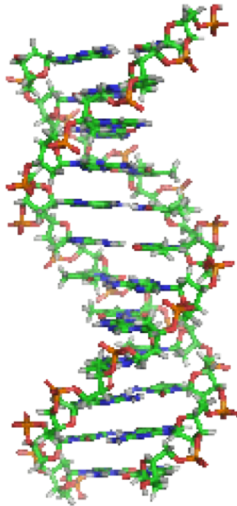
sekwencja  
aminokwasów to  
białko

```
ATGGCAGACCATTATTTTTCTAACGACCCTTCTAGTAAAAGTGATCGTAAGCGATGGGAATTTACGCTTC
GTGGATCTCAATTTACTTTCTTATCTGACCGTGGGGTGTTCGAAAAACGAAGTGGACTTTGGTTCTCG
TCTTTTAATTGAAGCGTTTCAAGTGCCAGATATTAAGGTGACATATTAGACGTAGGTTGTGGATATGGA
CCAATTGGTTTATCGTTGGCGAAAGAGTTTCAAGACCGTAAAGTTCACATGGTGGATGTGAATGAAAGGG
CACTTGAGCTTGCAAAAGAAAATGCCGCTAACAATAGAATTGAAAATGTGCACATTTTTCAAAGTAGCGT
CTATGAAAATGTAGATGGTATGTATGCTGCTATTCTATCTAATCCTCCAATTCGTGCAGGGAAAGATATC
GTGCATGAGATTTTAGAAAAAGCTGTAGAACATTTAGTTCCAGGTGGAGAGTTGTGGATTGTTATTCAA
AGAAACAAGGTGCACCATCTGCGCTGAAGAACTAGAAGAAGTGTTCCTGAAGTCGAAGTTGTAGAAAA
GAAAAAAGGATATTATATCATAAAATCAAAAAACGTTGA
```

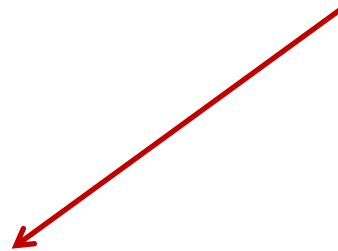
# Podobieństwo organizmów

---

## Sekwencje nukleotydowe DNA (fragment genu)



Fragment genu 16S bakterii, na podstawie którego identyfikuje się zakażenia



```
ATGGCAGACCATTATTTTTCTAACGACCCTTCTAGTAAAAGTGATCGTAAGCGATGGGAATTTACGCTTC
GTGGATCTCAATTTACTTTCTTATCTGACCGTGGGGTGTTCGAAAAACGAAGTGGACTTTGGTTCTCG
TCTTTTAATTGAAGCGTTTCAAGTGCCAGATATTAAGGTGACATATTAGACGTAGGTTGTGGATATGGA
CCAATTGGTTTATCGTTGGCGAAAGAGTTTCAAGACCGTAAAGTTCACATGGTGGATGTGAATGAAAGGG
CACTTGAGCTTGCAAAAGAAAATGCCGCTAACAATAGAATTGAAAATGTGCACATTTTTCAAAGTAGCGT
CTATGAAAATGTAGATGGTATGTATGCTGCTATTCTATCTAATCCTCCAATTCGTGCAGGGAAAGATATC
GTGCATGAGATTTTAGAAAAAGCTGTAGAACATTTAGTTCCAGGTGGAGAGTTGTGGATTGTTATTCAA
AGAAACAAGGTGCACCATCTGCGCTGAAGAACTAGAAGAAGTGTTCCTGAAGTCGAAGTTGTAGAAAA
GAAAAAAGGATATTATATCATAAAATCAAAAAACGTTGA
```



# BLAST - Basic Local Alignment Search Tool

---

Ogólnosiwiatowa baza sekwencji nukleotydowych, białkowych, itd.

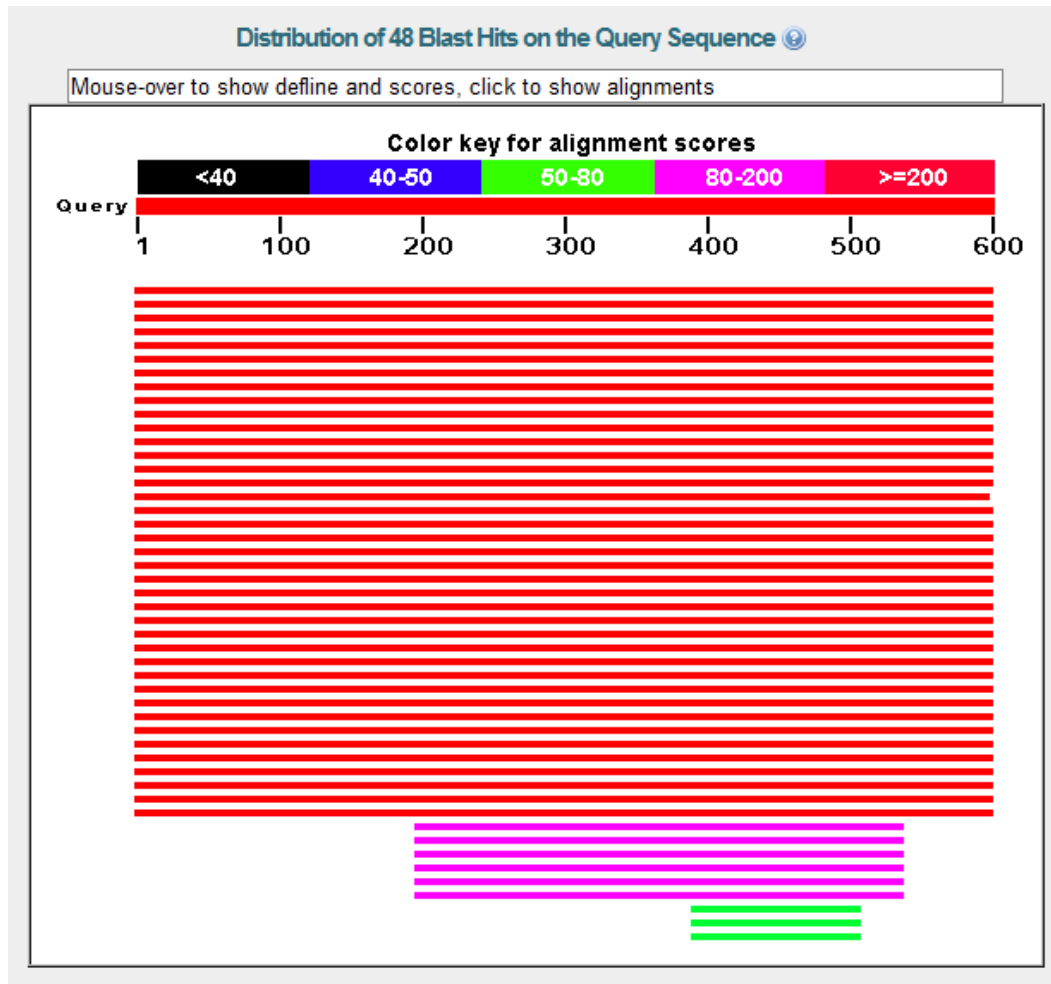
<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

Wkładając sekwencję nukleotydową genu w bazę wszystkich organizmów, można w łatwy sposób znaleźć informację np. do jakiego szczepu bakterii należy dane DNA

Podaje nam również informację, na ile ta sekwencja jednej bakterii jest podobna do innej bakterii, co pozwala oszacować z jakim prawdopodobieństwem możemy powiedzieć że to jest ta, a nie inna bakteria.

---

# Wyniki z bazy BLAST



Bacillus cereus  
Listeria monocytogenes  
Bacillus anthracis (wąglik)

Bacillus thuringencis  
Streptococcus iniae



# Specyfikacja algorytmu

---

## Dane:

- $n$  – liczba naturalna,
- Dwie sekwencje nukleotydowe, każda o długości  $n$

## Wynik:

- Liczba niezgodnych nukleotydów
  - Procent zgodności (podobieństwo organizmów)
-

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25 (indeksujemy od 0, czyli numerujemy od 0 do 24)

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=0**

Numer nukleotydu **i=0**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=0**

Numer nukleotydu **i=1**

---



# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=0**

Numer nukleotydu **i=2**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=1**

Numer nukleotydu **i=3**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=1**

Numer nukleotydu **i=4**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=1**

Numer nukleotydu **i=5**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=1**

Numer nukleotydu **i=6**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=2**

Numer nukleotydu **i=7**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=2**

Numer nukleotydu **i=8**

---



# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=3**

Numer nukleotydu **i=9**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=3**

Numer nukleotydu **i=10**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=3**

Numer nukleotydu **i=11**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=3**

Numer nukleotydu **i=12**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=3**

Numer nukleotydu **i=13**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=4**

Numer nukleotydu **i=14**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=4**

Numer nukleotydu **i=15**

---



# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT

**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT



Liczba niezgodności **inne=5**

Numer nukleotydu **i=16**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAAACCT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=5**

Numer nukleotydu **i=17**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAAACCT

**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT



Liczba niezgodności **inne=5**

Numer nukleotydu **i=18**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAAACCT

**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT



Liczba niezgodności **inne=6**

Numer nukleotydu **i=19**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAAACCT

**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT



Liczba niezgodności **inne=7**

Numer nukleotydu **i=20**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT



**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT

Liczba niezgodności **inne=8**

Numer nukleotydu **i=21**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT

**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT



Liczba niezgodności **inne=8**

Numer nukleotydu **i=22**

---

# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTAACCT

**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT



Liczba niezgodności **inne=9**

Numer nukleotydu **i=23**

---



# Animacja algorytmu

---

Długość łańcucha: 25

**DNA1:** ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT

**DNA2:** ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT



Liczba niezgodności **inne=9**

Numer nukleotydu **i=24**

---

# Rozdział 1000

---

Sposoby zapisu algorytmów

# Zapis algorytmu: język naturalny (lista kroków)

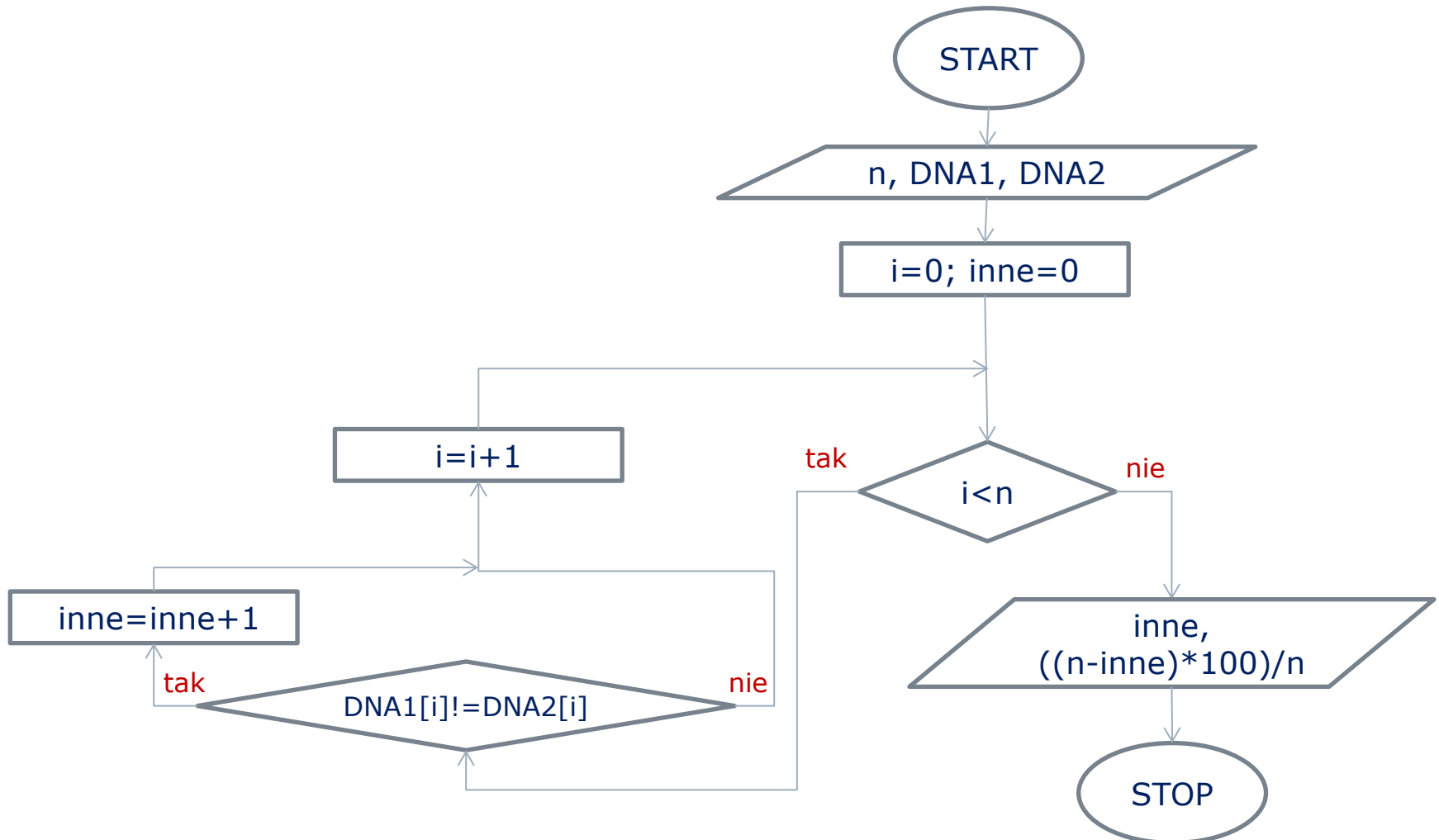
---

**Dane:** długość łańcucha nukleotydowego  $n$ , dwie sekwencje nukleotydowe: DNA1 i DNA2

**Wynik:** liczba niezgodnych nukleotydów i procent zgodności (podobieństwo organizmów)

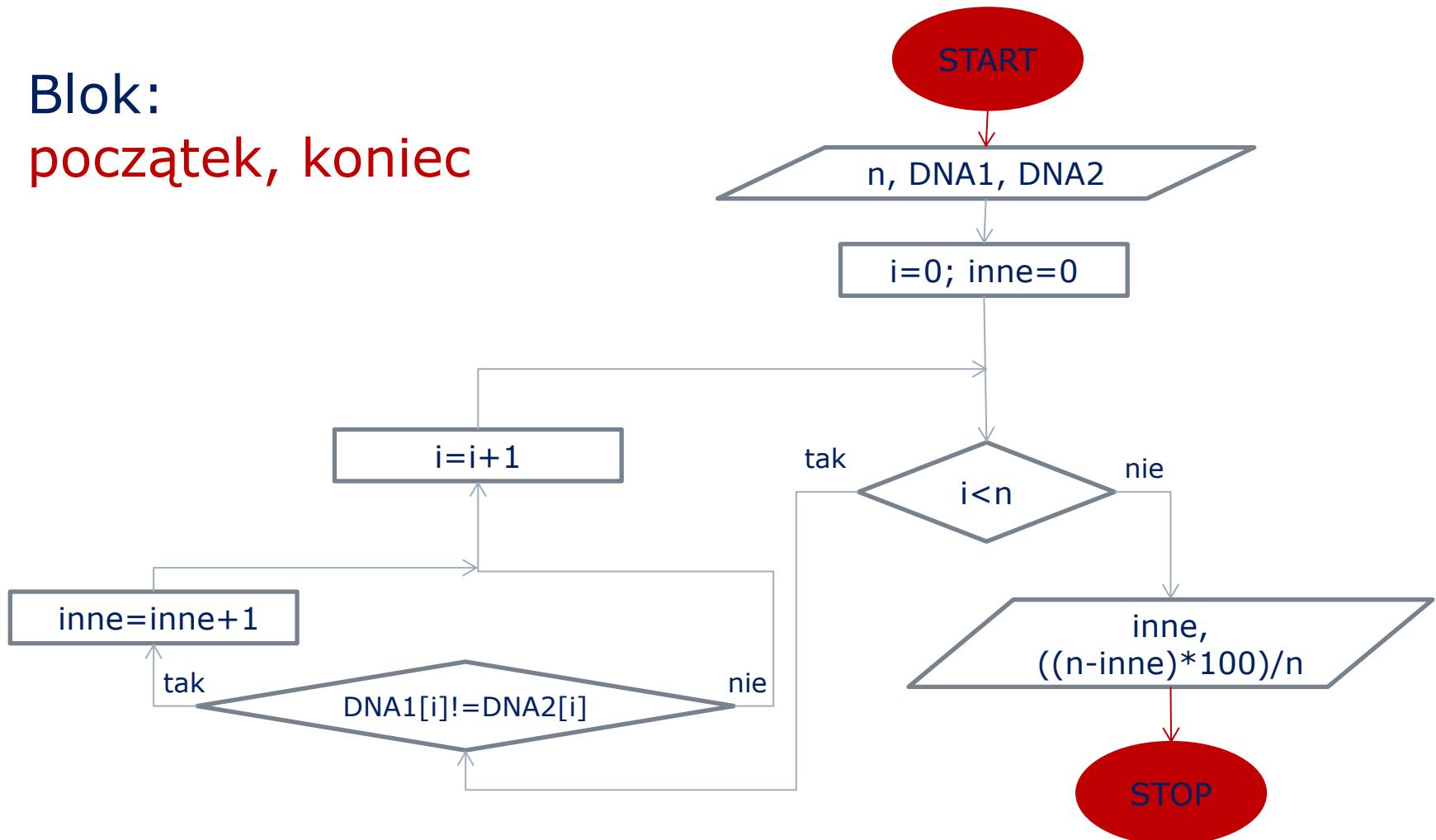
1. Ustaw licznik niezgodności na 0 ( $inne = 0$ )
  2. Ustaw numer początkowego nukleotydu na 0 ( $i = 0$ )
  3. Dopóki  $i < n$  wykonuj kroki 4 i 5
  4. Jeśli wskazywane nukleotydy są różne ( $DNA1[i] \neq DNA2[i]$ ) zwiększ licznik niezgodności o 1 ( $inne = inne + 1$ )
  5. Weź następny nukleotyd ( $i = i + 1$ )
  6. Wypisz liczbę niezgodności i procent zgodności
-

# Zapis algorytmu: schemat blokowy



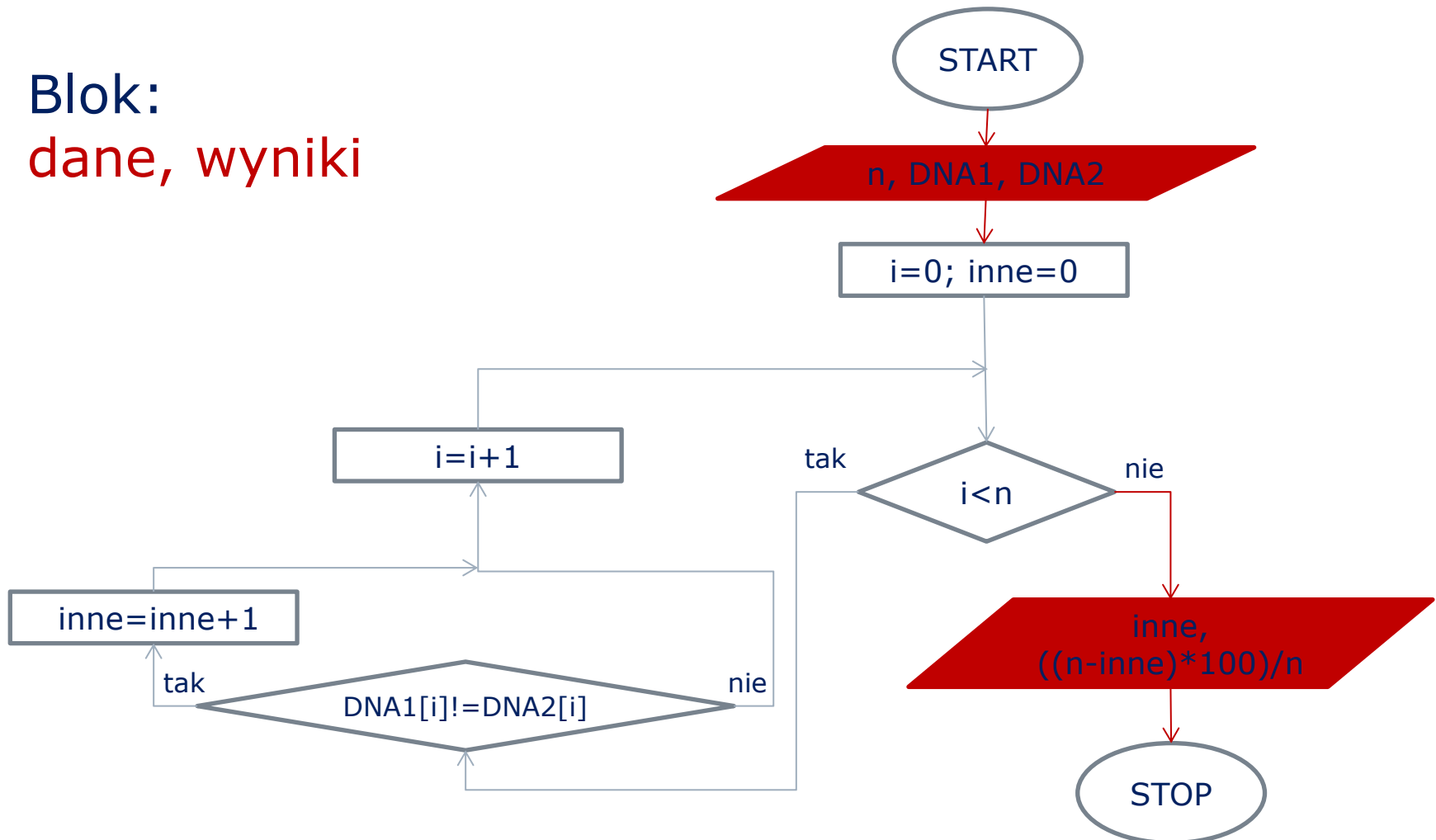
# Zapis algorytmu: schemat blokowy

Blok:  
początek, koniec



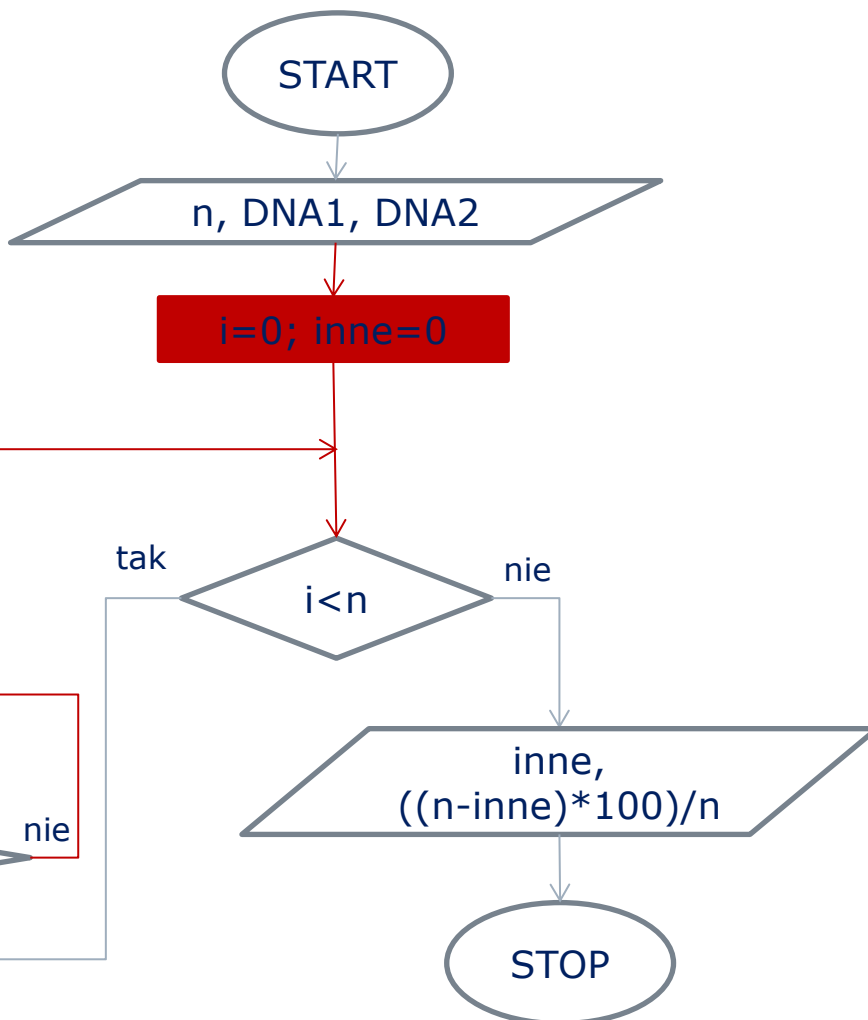
# Zapis algorytmu: schemat blokowy

Blok:  
dane, wyniki



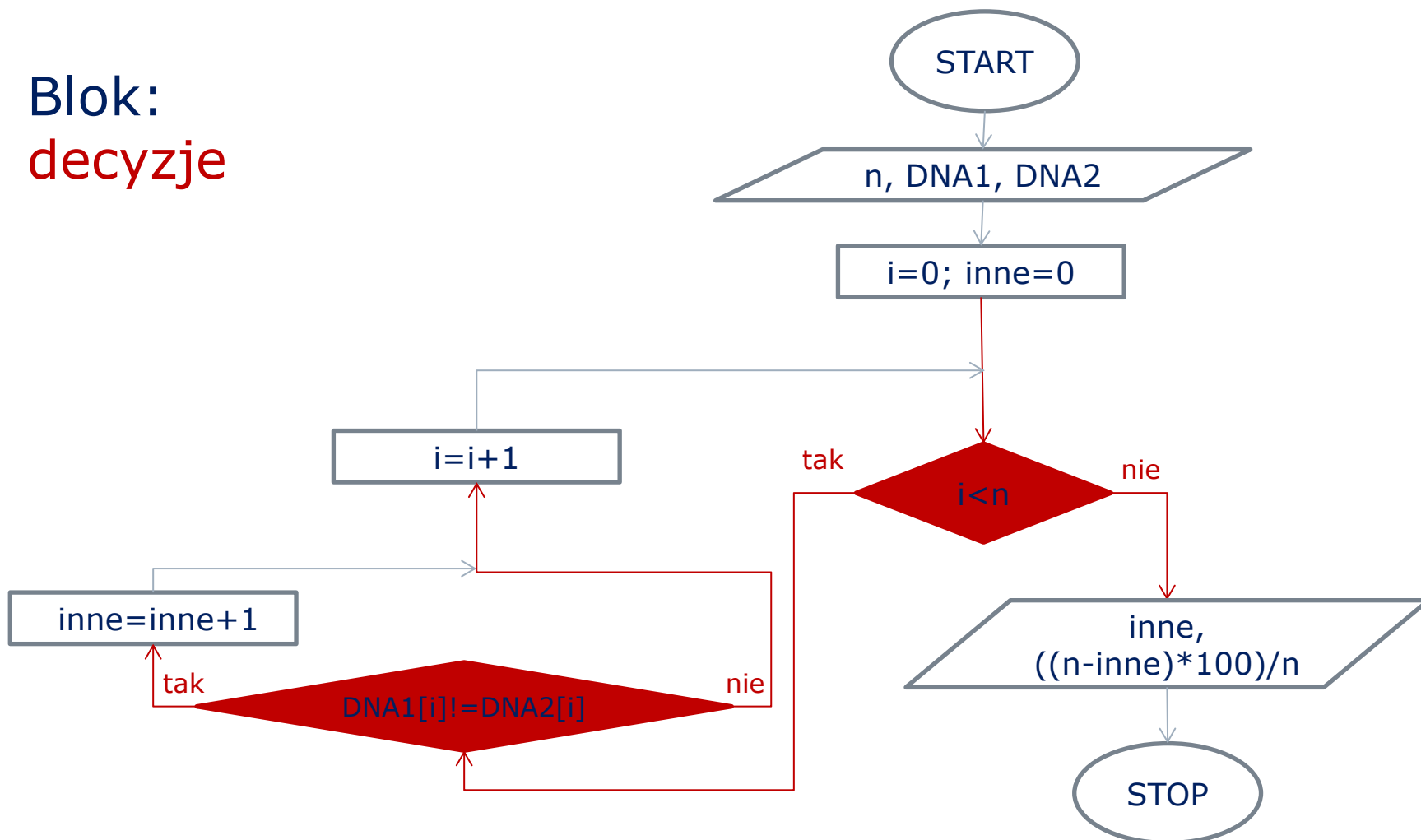
# Zapis algorytmu: schemat blokowy

Blok:  
obliczenia, podstawienia



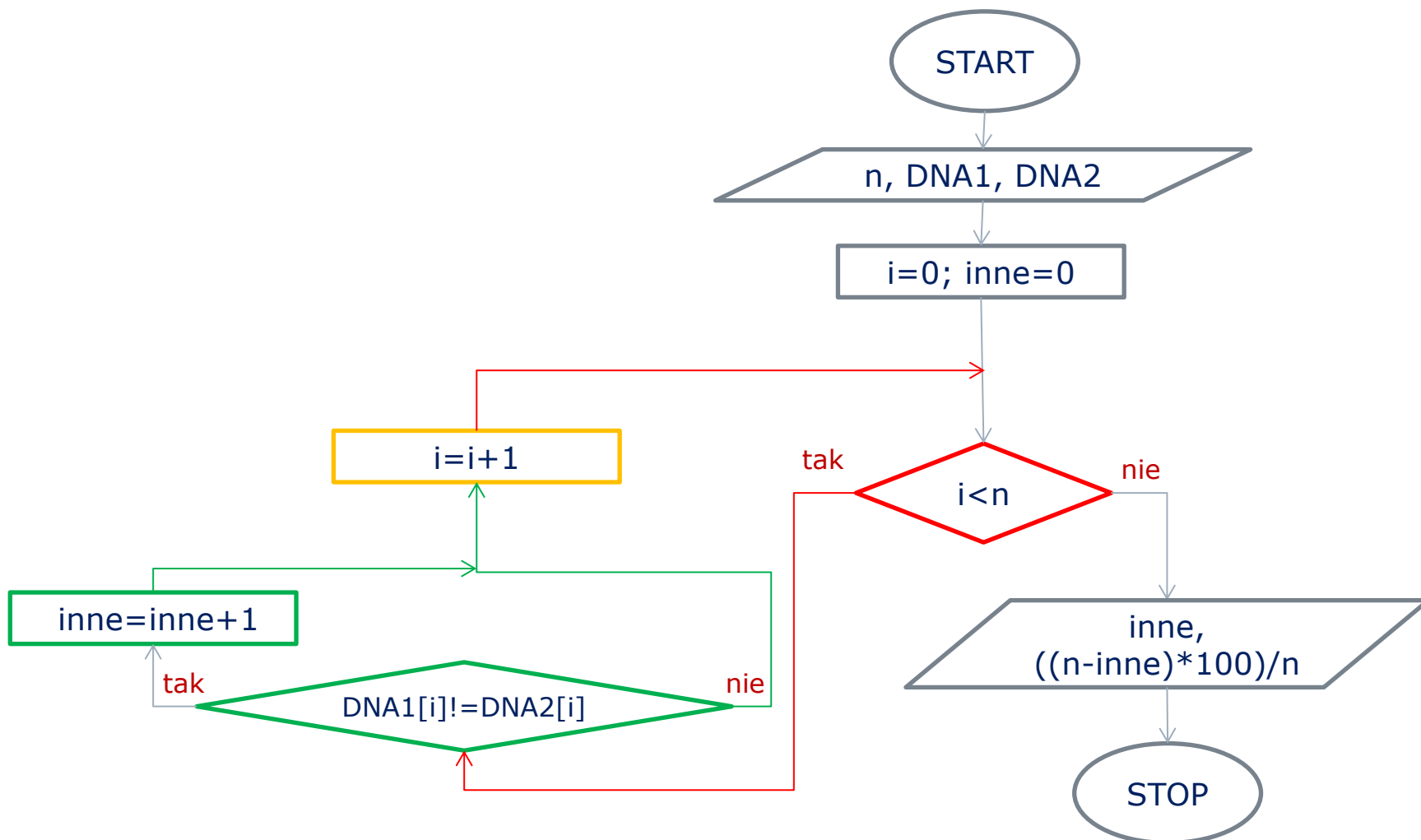
# Zapis algorytmu: schemat blokowy

Blok:  
decyzje





# Zapis algorytmu: schemat blokowy



# Program w języku Python 3.6

---

```
import random

#dane
DNA1="ACGCCGATTACGTTACGTTTAACT";
DNA2="ACGTCGAATGCGTTGCATTATCCAT";
n=25

#algorytm
inne=0; i=0
while i<n:
    if DNA1[i]!=DNA2[i]:
        inne=inne+1
    i=i+1

#wynik
print("liczba niezgodności=", inne,
      " procent zgodności=", ((n-inne)*100)/n)
```

---

# Dziękuję za uwagę

---

Anna Beata Kwiatkowska, [aba@mat.umk.pl](mailto:aba@mat.umk.pl)

