



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Analiza danych wysokoprzepustowych

Przedmiot

Kierunek studiów

Bioinformatyka

Studia w zakresie (specjalność)

-

Poziom studiów

drugiego stopnia

Forma studiów

stacjonarne

Rok/semestr

1/2

Profil studiów

ogólnoakademicki

Język oferowanego przedmiotu

polski

Wymagalność

obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład

15

Laboratoria

15

Inne (np. online)

Ćwiczenia

Projekty/seminaria

Liczba punktów ECTS

3

Wykładowcy

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

Dr hab. inż. Aleksandra Świercz

Odpowiedzialny za przedmiot/wykładowca:

Wymagania wstępne

Osoba podejmująca studia na II stopniu Bioinformatyki powinna mieć osiągnięte efekty kształcenia z I stopnia tego kierunku studiów, zdefiniowane w Uchwale Senatu PP – efekty te prezentowane są w serwisie internetowym wydziału www.fc.put.poznan.pl.

Student rozpoczynający ten moduł powinien posiadać podstawową wiedzę z zakresu statystyki, algorytmiki oraz genomiki.

Ponadto w zakresie kompetencji społecznych student musi prezentować takie postawy, jak uczciwość, odpowiedzialność, wytrwałość, ciekawość poznawczą, kreatywność, kulturę osobistą, szacunek dla innych ludzi.

Cel przedmiotu

1. Przekazanie studentom podstawowej wiedzy o nowych technologiach sekwencjonowania wysokoprzepustowego.

2. Zapoznanie studentów z różnymi problemami i zagadnieniami, które mogą być rozwiązywane za pomocą sekwencjonowania drugiej i trzeciej generacji. Zapoznanie studentów z zagadnieniami



alternatywnego splicingu, wyznaczania różnic pomiędzy genomami osobników tego samego gatunku, asemblacji de novo oraz resekwencjonowania.

3. Rozwinięcie u studentów umiejętności zastosowania poznanej wiedzy do rozwiązywania wyżej wymienionych problemów.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza

1. zna i potrafi wykorzystać specjalistyczne narzędzia informatyczne oraz bioinformatyczne
2. posiada wiedzę z zakresu analizy bioinformatycznej w skali genomowej opartą na solidnych podstawach z zakresu statystyki
3. zna podstawowe technologie sekwencjonowania, posiada wiedzę i potrafi wykorzystać podstawowe metody i narzędzia z zakresu analizy sekwencji w kontekście omawianych zagadnień

Umiejętności

1. potrafi wykorzystać poznane metody i narzędzia informatyczne do rozwiązywania problemów biologicznych, potrafi ocenić ich przydatność, a w razie potrzeby zaproponować alternatywne rozwiązanie
2. formułuje i testuje hipotezy związane z omawianymi zagadnieniami bioinformatycznymi, np. badanie różnic w poziomie ekspresji genów, badanie alternatywnego splicingu, itp.

Kompetencje społeczne

1. rozumie potrzebę systematycznego poszukiwania nowych rozwiązań, zapoznawania się z czasopismami naukowymi, także w języku angielskim, w celu pogłębiania wiedzy bioinformatycznej
2. systematycznie aktualizuje swoją wiedzę z zakresu biologii i informatyki oraz dostrzega możliwości jej praktycznego zastosowania

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Ocena formująca

- a) w zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez odpowiedzi na pytania dotyczące materiału omówionego na poprzednich wykładach
- b) w zakresie laboratoriów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez: (i) ocenę umiejętności związanych z realizacją ćwiczeń laboratoryjnych; (ii) ocenę za aktywność na zajęciach lub brak przygotowania do zajęć; (iii) ocenę sprawozdań przygotowywanych częściowo w trakcie zajęć, a częściowo po ich zakończeniu

Ocena podsumowująca

- a) w zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez: (i) ocenę wiedzy i umiejętności wykazanych na kolokwium zaliczeniowym pisemnym o charakterze



problemowym. Kolokwium składa się z kilku pytań; łączna liczba punktów to 4. Aby zdobyć ocenę 3.0 należy uzyskać 3 punkty; (ii) ocenę prezentacji wybranej przez prowadzącego publikacji w czasopiśmie naukowym, max 2 punkty

b) w zakresie laboratoriów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez: (i) ocenę wiedzy i umiejętności związanych z treściami przekazywanymi na ćwiczeniach poprzez kolokwium końcowe; (ii) zestawienie ocen wystawionych w trakcie semestru w postaci średniej ważonej. Oceny uzyskane z ćwiczeń przeprowadzonych na zajęciach oraz ze sprawozdań brane są do średniej z wagą 1, natomiast ocena z kolokwium z wagą 2. Dodatkowo aktywność na zajęciach może podnieść ocenę końcową o 0.5 (pod warunkiem nieprzekroczenia oceny 5.0).

(c) aktywność podczas zajęć premiowana jest dodatkowymi punktami, w szczególności za: (i) omówienie dodatkowych aspektów zagadnienia; (ii) efektywność zastosowania zdobytej wiedzy podczas rozwiązywania zadanego problemu; (iii) uwagi prowadzące do udoskonalenia materiałów dydaktycznych lub procesu dydaktycznego.

Treści programowe

Program wykładu obejmuje następujące zagadnienia. Zapoznanie się z nowymi technologiami sekwencjonowania nowej generacji. Różne sposoby generowania bibliotek dla sekwenatora Illumina. Sekwencjonowanie pojedynczych odczytów i odczytów sparowanych. Sekwencjonowanie DNA; różne podejścia i metody sekwencjonowania de novo; resekwencjonowanie, czyli mapowanie odczytów do genomu referencyjnego; algorytm Smitha-Watermana; transformacja Burrowsa-Wheelera. Grafy w kontekście algorytmów asemblacji; grafy nałożeń oraz grafy DNA. Sekwencjonowanie RNA; poszukiwanie nowych miejsc splicingowych dla różnych transkryptomów, badanie poziomu ekspresji genów dla różnych próbek, analiza krótkich RNA (np. miRNA, piRNA). Różne podejścia i algorytmy do rozwiązywania tychże problemów. Sposoby analizy danych pod kątem różnic genomowych (CNV, SNP).

Ćwiczenia laboratoryjne prowadzone są w formie siedmiu/ośmiu dwugodzinnych zajęć odbywających się w laboratorium komputerowym. Pierwsze zajęcia przeznaczone są na zapoznanie studentów z zasadami użytkowania laboratorium i zaliczania ćwiczeń. Ćwiczenia realizowane są samodzielnie przez każdego studenta. Program zajęć laboratoryjnych obejmuje następujące zagadnienia. Zapoznanie się z dostępnymi narzędziami do analizy danych pochodzących z sekwenatorów nowej generacji, przeglądanie baz danych w poszukiwaniu danych eksperymentalnych. Różne sposoby kompresji danych z sekwenatorów. Zaproponowanie nowych rozwiązań dla problemów omawianych na wykładach i zajęciach laboratoryjnych: sekwencjonowanie DNA i RNA, resekwencjonowanie, badanie poziomu ekspresji genów, analiza krótkich RNA.

Metody dydaktyczne

1. Wykład: prezentacja multimedialna, prezentacja ilustrowana przykładami podawanymi na tablicy
2. Ćwiczenia laboratoryjne: rozwiązywanie zadań, ćwiczenia praktyczne, implementacja algorytmów, zastosowanie ist-niejących rozwiązań dla problemów omawianych na wykładach, wykonywanie eksperymentów, dyskusja, prezentacja na tablicy



Literatura

Podstawowa

1. TA Brown, „Genomy”, PWN.
2. N. Rodriguez-Ezpeleta, M. Hackenberg, A.M. Aransay, „Bioinformatics for High Throughput Sequencing”, Springer, 2012.
3. M. Janitz, „Next-generation Genome Sequencing. Towards Personalized Medicine”, Wiley-Blackwell, 2008.

Uzupełniająca

-

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	76	3,0
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	36	1,5
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych, przygotowanie do kolokwium zaliczeniowego, wykonanie sprawozdań z ćwiczeń laboratoryjnych, napisanie programów, uruchomienie, weryfikacja wyników) ¹	40	1,5

¹ niepotrzebne skreślić lub dopisać inne czynności