



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Genomika populacji [S2Bioinf1>GENOM]

Przedmiot

Kierunek studiów
Bioinformatyka

Rok/Semestr
1/1

Studia w zakresie (specjalność)
–

Profil studiów
ogólnoakademicki

Poziom studiów
drugiego stopnia

Język oferowanego przedmiotu
polski

Forma studiów
stacjonarne

Wymagalność
obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład
30

Laboratorium
30

Inne (np. online)
0

Ćwiczenia
0

Projekty/seminaria
0

Liczba punktów ECTS

5,00

Koordynatorzy

dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk
agnieszka.rybarczyk@put.poznan.pl

Wykładowcy

dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk
agnieszka.rybarczyk@put.poznan.pl

Wymagania wstępne

Student rozpoczynający ten przedmiot powinien posiadać podstawową wiedzę z zakresu podstaw programowania i znać podstawowe metody stosowane przy rozwiązywaniu prostych zadań informatycznych. Powinien również posiadać umiejętność rozwiązywania podstawowych problemów, którymi zajmuje się informatyka oraz umiejętność pozyskiwania informacji ze wskazanych źródeł. Powinien również posiadać podstawową wiedzę z zakresu biologii molekularnej, genetyki molekularnej oraz statystyki.

Cel przedmiotu

1. Przekazanie studentom podstawowej wiedzy z zakresu genomiki populacyjnej, a w szczególności dotyczącej: zmienności genetycznej i fenotypowej oraz jej organizacji, wpływu czynników takich jak dryf genetyczny, mutacja dobór darwinowski. 2. Zapoznanie studentów z narzędziami bioinformatycznymi, podejściami i analizami wykorzystywanymi w szeroko rozumianych badaniach realizowanych w genomice populacyjnej. 3. Zapoznanie studentów z wykorzystywanymi obecnie metodami analizy obliczeniowej w bioinformatyce kwasów nukleinowych na przykładzie RNA.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

1. Ma uporządkowaną, podbudowaną teoretycznie wiedzę w zakresie podejść, badań i analiz dotyczących szeroko rozumianej genomiki populacji oraz bioinformatyki kwasów nukleinowych na przykładzie RNA.
2. Zna zastosowania narzędzi i programów informatycznych do analizy danych genetycznych w genomice populacji i bioinformatyce kwasów nukleinowych.
3. Zna metody, techniki i narzędzia wykorzystywane w procesie rozwiązywania złożonych zadań bioinformatycznych, głównie o charakterze inżynierskim
4. Zna zasady planowania badań z zakresu bioinformatyki

Umiejętności:

1. Potrafi pozyskiwać z różnych źródeł dane źródłowe dostępne w literaturze oraz Internecie, a także interpretować informacje na ich temat.
2. Zna oraz potrafi wskazać i zastosować w praktyce odpowiednie podejście oraz oprogramowanie do przeprowadzenia analizy z zakresu genomiki populacji. Potrafi zinterpretować i poddać dyskusji uzyskane w drodze takiej analizy wyniki.
3. Zna i potrafi zastosować w praktyce różne poznane metody dedykowane do analizy, porównywania, adnotacji i przewidywania oddziaływań dla cząsteczek RNA.
4. Potrafi stosować zaawansowane techniki i narzędzia informatyczne do rozwiązywania problemów biologicznych oraz ocenić ich przydatność.
5. Potrafi przygotować pisemny raport w języku polskim prezentujący wyniki z przeprowadzonych analiz, a także dyskutować na ich temat.
6. Formułuje i testuje hipotezy związane z problemami bioinformatycznymi.

Kompetencje społeczne:

1. Potrafi współdziałać i pracować w grupie, przyjmując w niej różne role.
2. Potrafi odpowiednio określić priorytety służące realizacji zadania określonego przez siebie lub innych.
3. Wykazuje twórczą postawę w życiu zawodowym i społecznym.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Ocena podsumowująca

a) w zakresie wykładów weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

• egzamin pisemny składający się z 5-10 pytań / zadań problemowych - każde zadanie punktowane 0-4 pkt (zadania mogą składać się z kilku podpunktów – za każdy podpunkt jest wówczas wyznaczona punktacja częściowa). Aby uzyskać zaliczenie należy zdobyć co najmniej połowę punktów plus jeden.

b) w zakresie laboratoriów / ćwiczeń weryfikowanie założonych efektów kształcenia realizowane jest przez:

• ocena końcowa stanowi średnią ocen z ocen za wykonanie poszczególnych ćwiczeń praktycznych w trakcie semestru. Za każde ćwiczenie / opracowanie można otrzymać maksymalnie 5 punktów (3 pkt = ocena dst; 4 pkt = ocena db, 5 pkt = ocena bdb)

Treści programowe

Przedmiot poświęcony jest teoretycznemu i praktycznemu wprowadzeniu do obszaru badań w zakresie genomiki populacji oraz bioinformatyki kwasów nukleinowych na przykładzie RNA. W ramach wykładów omówione zostaną następujące zagadnienia: rys historyczny, znaczenie genomiki populacji oraz podstawowe pojęcia; zmienność genetyczna i fenotypowa (m.in. dziedziczenie jedno i wieloczynnikowe, polimorfizm DNA i jego znaczenie, molekularna genetyka populacji); organizacja zmienności genetycznej (m.in. prawo Hardy'ego-Weinberga, jego rozwinięcia oraz sposoby testowania, nierównowaga sprzężeń i jej przyczyny); dryf genetyczny (m.in. model dryfu Wrighta-Fishera, efektywna wielkość populacji, efekt założyciela i wąskiego gardła, drzewa genowe i koalescencja); mutacja i teoria neutralna (m.in. rodzaje mutacji, model nieskończonej liczby alleli i miejsc, powiązanie z dryfem genetycznym i rekombinacją); dobór darwinowski (m.in. rodzaje doboru, dobór u organizmów haploidalnych i diploidalnych, powiązanie z mutacją, stany równowagi); kojarzenie wsobne i migracja (m.in. populacje podzielone, kojarzenie wsobne i selektywne, rodzaje migracji i jej modele); molekularna genomika populacji (m.in. ocena tempa różnicowania się sekwencji molekularnej, rodzaje substytucji nukleotydów i aminokwasów, zegar molekularny, polimorfizm, filogeneza, rodziny wielogenowe); ewolucyjna genetyka ilościowa oraz genetyka człowieka (m.in. modele genetyczne, kowariancja, korelacja genetyczna); podstawowe metody

analizy i przewidywania struktury drugorzędowej RNA z wykorzystaniem istniejących podejść bioinformatycznych jak i eksperymentalnych; metody porównywania, oddziaływania oraz adnotacji sekwencji genów RNA na przykładzie niekodujących RNA; Zagadnienia będą ilustrowane przykładami. Laboratoria polegają na analizie danych biologicznych i biomedycznych, z nastawieniem na poznanie możliwości programów, narzędzi oraz podejść dotyczących omawianych w części wykładowej zagadnień oraz i ich zastosowań.

Metody dydaktyczne

Wykład ilustrowany prezentacją multimedialną zawierającą omawiane treści programowe, wzbogacone przykładami;

Laboratoria: ćwiczenia praktyczne z zakresu genomiki populacji oraz analiz dedykowanych RNA, praca grupowa, dyskusja i analiza problemów.

Literatura

Podstawowa

Hartl D.I., Clark A.G., "Podstawy genetyki populacyjnej.", Wydawnictwa UW, Warszawa, 2009

Uzupełniająca

1. Avise J.C., "Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja.", Wydawnictwa UW, Warszawa, 2008

2. Baxevanis A.D., Ouellette B.F.F., "Bioinformatyka - podręcznik do analizy genów i białek",

Wydawnictwo PWN, Warszawa, 2005

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	125	5,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	60	2,50
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwii/egzaminu, wykonanie projektu)	65	2,50