



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Analiza danych wysokoprzepustowych [S2Bioinf1>ADW]

Przedmiot

Kierunek studiów
Bioinformatyka

Rok/Semestr
2/3

Studia w zakresie (specjalność)
–

Profil studiów
ogólnoakademicki

Poziom studiów
drugiego stopnia

Język oferowanego przedmiotu
polski

Forma studiów
stacjonarne

Wymagalność
obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład
15

Laboratorium
15

Inne (np. online)
0

Ćwiczenia
0

Projekty/seminaria
0

Liczba punktów ECTS

3,00

Koordynatorzy

dr hab. inż. Aleksandra Świercz
aleksandra.swiercz@put.poznan.pl

Wykładowcy

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.cat.put.poznan.pl. Student rozpoczynający ten moduł powinien posiadać podstawową wiedzę z zakresu statystyki, algorytmiki oraz genomiki. 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 nowej generacji. Zapoznanie studentów z zagadnieniami alternatywnego splicingu, wyznaczania różnic pomiędzy genomami osobników tego samego gatunku, asemblacji de novo oraz resekwenconowania. 3. Rozwinięcie u studentów umiejętności zastosowania poznanej wiedzy do rozwiązywania wyżej wymienionych problemów.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

1. Zna metody i narzędzia wykorzystywane w procesie rozwiązywania złożonych zadań bioinformatycznych, głównie o charakterze inżynierskim
2. Zna i potrafi wykorzystać specjalistyczne narzędzia informatyczne oraz bioinformatyczne
3. Posiada wiedzę z zakresu analizy bioinformatycznej w skali genomowej opartą na solidnych podstawach z zakresu statystyki
4. Zna podstawowe technologie sekwencjonowania, posiada wiedzę i potrafi wykorzystać podstawowe metody i narzędzia z zakresu analizy sekwencji genomowych w kontekście omawianych zagadnień
5. Zna trendy rozwojowe bioinformatyki, rozumie i potrafi wyciągać wnioski z publikacji naukowych

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:

- ocenę umiejętności związanych z realizacją ćwiczeń laboratoryjnych
- ocenę za aktywność na zajęciach lub brak przygotowania do zajęć
- ocenę sprawozdań przygotowywanych częściowo w trakcie zajęć, a częściowo po ich zakończeniu
- ocenę zrealizowanych przez studenta ćwiczeń laboratoryjnych

Ocena podsumowująca

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

- ocenę wiedzy i umiejętności wykazanych na kolokwium zaliczeniowym pisemnym o charakterze problemowym. Kolokwium składa się z sześciu pytań; łączna liczba punktów to 5. Aby zdobyć ocenę 3.0 należy uzyskać 2.7 punktów.

- omówienie wyników kolokwium

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

- ocenę wiedzy i umiejętności związanych z treściami przekazywanymi na ćwiczeniach poprzez kolokwium końcowe

• 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 nie przekroczenia oceny 5.0).

Aktywność podczas zajęć premiowana jest dodatkowymi punktami, w szczególności za:

- omówienie dodatkowych aspektów zagadnienia,
- efektywność zastosowania zdobytej wiedzy podczas rozwiązywania zadanego problemu,
- 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; 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 transkryptomów, badanie poziomu ekspresji genów dla kilku 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. Wykorzystanie dostępnych narzędzi dla problemów omawianych na wykładach i zajęciach laboratoryjnych: wstępne filtrowanie danych po jakości, szukanie i odcinanie adapterów w odczytach z sekwenatora, mapowanie DNA i RNA do genomu referencyjnego, badanie poziomu ekspresji genów, wyszukiwanie genów z alternatywnym splicingiem, analiza krótkich RNA, asemblacja de novo transkryptomu, wizualizacja wyników mapowania w programie IGV.

Metody dydaktyczne

Wykład: prezentacja multimedialna, ilustrowana przykładami podawanymi na tablicy.

Ćwiczenia laboratoryjne: prezentacja multimedialna prezentacja ilustrowana przykładami podawanymi na tablicy oraz wykonanie zadań podanych przez prowadzącego - ćwiczenia praktyczne.

Literatura

Podstawowa

1. N. Rodriguez-Ezpelta, M. Hackenberg, A.M. Aransay eds. „Bioinformatics for high throughput sequencing”, Springer, 2012

2. TA Brown, „Genomy”, PWN

Uzupełniająca

1. M.Zhao, Q. Wang, Q. Wang, P. Jia, Z. Zhao “Computational tools for copy number variation (CNV) detection using next-generation sequencing data: features and perspectives”, BMC Bioinformatics, 2013, 14:S1

2. Briefings in Bioinformatics vol. 11 issue 5, 2010, Special Issue: Second generation sequencing.

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	75	3,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	30	1,50
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwium/egzaminu, wykonanie projektu)	45	1,50