

1. Nazwa przedmiotu: GENOMIKA FUNKCJONALNA I PROTEOMIKA		2. Kod przedmiotu:		
3. Karta przedmiotu ważna od roku akademickiego: 2012				
4. Forma kształcenia: studia pierwszego stopnia				
5. Forma studiów: studia stacjonarne				
6. Kierunek studiów: BIOTECHNOLOGIA ; KIERUNEK MIĘDZYWYDZIAŁOWY				
7. Profil studiów: ogólnoakademicki				
8. Specjalność: BIOINFORMATYKA				
9. Semestr: 6				
10. Jednostka prowadząca przedmiot: Instytut Automatyki, RAu1				
11. Prowadzący przedmiot: prof. dr hab. Joanna Rzeszowska				
12. Przynależność do grupy przedmiotów: przedmioty wspólne				
13. Status przedmiotu: obowiązkowy				
14. Język prowadzenia zajęć: polski				
15. Przedmioty wprowadzające oraz wymagania wstępne: Przedmioty podstawowe dla pierwszego stopnia studiów oraz wiedza wyniesiona z wykładu „Biologia molekularna i genetyka ogólna”, zakłada się znajomość pojęć genomu, transkryptu i transkryptomu, białka i proteomu i ich wzajemnych relacji oraz posługiwanie się językiem angielskim w stopniu wystarczającym na korzystanie z literatury anglojęzycznej, umiejętność posługiwania się programem Matlab i znajomość podstaw rozwiązywania równań różniczkowych za pomocą metod numerycznych				
16. Cel przedmiotu: Przedmiot ma na celu przedstawienie podejść metodycznych stosowanych w badaniach genomu, transkryptomu i proteomu ze szczególnym uwzględnieniem analizy wielkoskalowych badań dotyczących globalnych zmian ekspresji dużej liczby genów, analizy sekwencji nukleotydowych całych genomów, zmian genetycznych zachodzących w populacjach ludzkich i zwierzęcych i zastosowania takich metod w biotechnologii i medycynie uzyskiwanych w eksperymentach mikromacierzowych i metodami głębokiego sekwencjonowania.				
17. Efekty kształcenia:¹				
Nr	Opis efektu kształcenia	Metoda sprawdzenia efektu kształcenia	Forma prowadzenia zajęć	Odniesienie do efektów dla kierunku studiów
W1	zna pojęcia transkryptomu i proteomu, zasady i metody eksperymentalne używane w oznaczeniach globalnych ekspresji genów	EP	WT, WM	K_W06, K_W09, K_W13, K_W20
W2	zna zasady wykorzystania danych mikromacierzowych w tworzeniu klasyfikatorów wspomagających diagnostykę medyczną	EP	WT, WM	K_W08, K_W12, K_W13, K_W15, K_W16, K_W22
W3	rozumie trudności i problemy związane z badaniem procesów zachodzących w żywych organizmach	EP	WT, WM	K_W07, K_W08, K_W12, K_W20, K_W21

¹ należy wskazać ok. 5 – 8 efektów kształcenia

U1	potrafi samodzielnie rozwiązać problem analizy danych oraz potrafi zinterpretować znaczenie biologiczne otrzymanych wyników	EP, SP,	C, L	K_U01, K_U06, K_U10, K_U12
U2	potrafi wykorzystywać narzędzia bioinformatyczne dostępne w sieci internetowej do analizy danych mikromacierzowych	SP, CL	C, L	K_U09, K_U25
U3	potrafi wyjaśnić i przeanalizować dane eksperymentu realtime PCR	CL	C, L	K_U11, K_U26
K1	rozumie powiązanie procesów chorobowych ze zmianami w genomie	CL, PS	L	K_K01, K_K03, K_K07

18. Formy zajęć dydaktycznych i ich wymiar (liczba godzin)

W. : 30 L.: 30

19. Treści kształcenia:

Przedmiot składa się z cyklu wykładów i zajęć laboratoryjnych. Student poznaje metody stosowane w badaniach genomu, transkryptomu i proteomu od pojedynczych genów i ich grup do całościowych analiz genomowych z porównywaniem sekwencji nukleotydowych w obrębie genomów czy transkryptomów tego samego gatunku i w analizach międzygatunkowych. Student zapoznaje się z różnymi systemami badań mikromacierzowych oraz z gotowymi i tworzonymi przez siebie aplikacjami komputerowymi umożliwiającymi analizę porównawczą wielkiej ilości danych z eksperymentu. W trakcie zajęć laboratoryjnych przedstawiane są różne techniki analizy danych transkryptomicznych. Studenci są zapoznawani z zaawansowanymi narzędziami bioinformatycznymi do rozwiązywania typowych problemów biologii molekularnej, m.in. ze środowiskiem R, jako powszechnie stosowanym narzędziem w analizie statystycznej dla problemów biologicznych. Studenci poznają metody analizy danych transkryptomicznych na poziomie analizy sekwencji genów, analizy poziomu ekspresji genów, oraz analizy szlaków sygnałowych wykorzystując rzeczywiste dane, uczą się podstaw programowania i tworzenia aplikacji do analizy danych biologicznych i medycznych wspomagających diagnostykę lub predykację w klinice.

Wykłady:

Struktura i funkcja genomu

Podstawowe techniki analizy genów

Reakcja łańcuchowa polimerazy, klonowanie i identyfikacja genów

Metody wprowadzania mutacji

Systemy produkcji białek i ich znakowania

Metody badania proteomu

Metody sekwencjonowania całych genomów

Sekwencje nukleotydowe i ontologie obecne w bazach danych

Genomika i badania genomu przy użyciu mikromacierzy na przykładzie mikromacierzy firm Affymetrix i Agilent

Metody inżynierii genetycznej roślin i organizmów zwierzęcych

Laboratorium ma na celu zapoznanie studentów z różnymi technikami analizy danych transkryptomicznych. Studenci są zapoznawani z zaawansowanymi narzędziami bioinformatycznymi do rozwiązywania typowych problemów genetyki molekularnej. Laboratorium ma na celu zaznajomienie studentów z środowiskiem R, jako powszechnie stosowanym narzędziem w różnego typu analizie statystycznej dla problemów biologicznych. Studenci zapoznają się z analizą danych transkryptomicznych na poziomie analizy sekwencji genów, analizy poziomu ekspresji genów, oraz analiza szlaków sygnałowych wykorzystując rzeczywiste dane uzyskiwane w naszym laboratorium, uczą się podstaw programowania i tworzenia aplikacji do analizy danych biologicznych.

Tematyka pierwszych zajęć laboratoryjnych:

- 1) Wstęp do środowiska R
- 2) Podstawowe narzędzia do analizy sekwencji
- 3) Analiza różnic w sekwencji genów i niektórych mechanizmów regulacji ekspresji genów
- 4) Przetwarzanie wstępne danych mikromacierzowych
- 5) Analiza danych mikromacierzowych eksperymentów biologicznych
- 6) Analiza szlaków sygnałowych na podstawie wyników eksperymentu mikromacierzowego
- 7) Projektowanie eksperymentu realtime PCR i analiza danych wyników

Kolejna seria ćwiczeń laboratoryjnych obejmuje zastosowanie danych mikromacierzowych do budowy

klasyfikatora służącego do diagnostyki rodzaju białaczki (AML / ALL) na podstawie rzeczywistych danych medycznych.

- 1) Struktura matematyczna i znaczenie biologiczne zbioru danych mikromacierzowych pochodzących od chorych na dwa typy białaczki i znaczenie klasyfikatorów jako narzędzia wspomagającego diagnostykę.
- 2) Metody selekcji genów związanych z rozróżnieniem grup pacjentów chorych na białaczkę typu AML od chorych na białaczkę typu ALL
- 3) Klasteryzacja danych, badanie przydatności różnych metod klasteryzacji (k-means, klasteryzacja hierarchiczna i za pomocą SOM) oraz wpływ ich parametrów na uzyskiwane wyniki.
- 4) Budowa klasyfikatora w oparciu o wybraną metodę klasteryzacji i ocena jego jakości

20. Egzamin: tak; ustny z prezentacją analizy wyników mikromacierzowych

21. Literatura podstawowa:

B.Alberts, D.Bray, K.Hopkin, A.Johnson, J.Lewis, M.Raff, K.Roberts, P.Walter : Podstawy biologii komórki, Wyd.II, PWN, 2005

B.Alberts, A.Johnson, J.Lewis, M.Raff, K.Roberts, P.Walter: Molecular biology of the cell. (IV edition) Garland Science, 2002

DNA microarrays. Ed.D.Bowtell, J.Sambrook, CSHL Press, Cold Spring Harbor, 2003

T.A.Brown: Genomy, PWN 2009

R.J.Reece: Analysis of genes and genomes. John Wiley&Sons Ltd.

J. M. Berg, L. Stryer, J. L. Tymoczko: Biochemia , PWN, 2009

D.S.T. Nicholl: An introduction to genetic engineering, Cambridge University Press , 2008

22. Literatura uzupełniająca:

P.C. Turner, A.G. McLennan, A.D. Bates, M.R.H. White: Biologia molekularna. . Krótkie wykłady (wyd. II), PWN, 2009

P.C. Winter, G.I. Hickey, H.L. Fletcher: Genetyka. Krótkie wykłady (wyd. II), PWN 2008

D. B. Hames, N. M. Hooper: Biochemia. Krótkie wykłady (wyd. II), PWN , 2009

M.L. DePamphilis, S.D. Bell: Genome duplication Garland Science, 2011

C. Howe: Gene Cloning and Manipulation. Cambridge University Press , 2007

23. Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia efektów kształcenia

Lp.	Forma zajęć	Liczba godzin kontaktowych / pracy studenta
1	Wykład	30/30
2	Ćwiczenia	0/0
3	Laboratorium	30/30
4	Projekt	0/0
5	Seminarium	0/0
6	Inne (egzamin i przygotowanie)	30/30 (2/4)
	Suma godzin	90/90 (92/54)

24. Suma wszystkich godzin: 180 (146)

25. Liczba punktów ECTS: 6 (5)

26. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego: 3

(5)

27. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach o charakterze praktycznym (laboratoria, projekty): 2 (3)

26. Uwagi: