

KARTA KURSU

Nazwa	Bioinformatyka RNA
Nazwa w j. ang.	RNA bioinformatics

Koordynator	Dr Grzegorz Migdałek	Zespół dydaktyczny
Punktacja ECTS*	1	

Opis kursu (cele kształcenia)

Celem kursu jest zapoznanie studentów z zaawansowanymi metodami analizy struktur drugorzędowych oraz profili RNA a także wprowadzenie studentów do powszechnie stosowanych protokołów analitycznych wykorzystywanych w transkryptomice. Po ukończeniu kursu student nabędzie wiedzę i umiejętności w zakresie:

- 1) Rodzajów analiz struktur RNA i predykcji tych struktur.
- 2) Metod obliczeniowych rekonstrukcji profili RNA
- 3) Metod analizy ekspresji genów
- 4) Projektowania analizy RNAseq i interpretacji wyników.

Warunki wstępne

Wiedza	Znajomość podstawowych pojęć i procesów z zakresu genetyki, ewolucji organizmów i sekwencji oraz bioinformatyki
Umiejętności	Umiejętność posługiwania się popularnymi formatami zapisu sekwencji biologicznych, oraz ich przyrównywania
Kursy	Podstawy oprogramowania, Podstawy genetyki, Biologia molekularna, Ewolucja molekularna, Bioinformatyka sekwencji biologicznych, Genomika

Efekty uczenia się

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Wiedza	W01. Wymienia podstawowe metody predykcji drugorzędowych struktur RNA i tłumaczy ich zastosowanie	K_W01, K_W14, K_W18
	W02. Rozróżnia najważniejsze narzędzia do predykcji struktur i wybiera odpowiednią do danego zadania	K_W11, K_W14
	W03. Charakteryzuje poszczególne etapy analizy RNAseq i tłumaczy ich zastosowanie	K_W02, K_W03, K_W12, K_W13, K_W17
	W04. Na podstawie wykonanej analizy ekspresji genów formułuje wnioski w oparciu o dostępną wiedzę biologiczną	K_W08, K_W13, K_W17

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Umiejętności	U01. Posługuje się narzędziami w trybie tekstowym do predykcji drugorzędowych struktur RNA i zestawiania danych w czytelnej formie	K_U01, K_U06
	U02. Potrafi wykorzystywać bazy danych do przeszukiwania motywów RNA	K_U05, K_U06
	U03. Konstruuje poprawnie działający potok zadaniowy przeprowadzający analizę różnicowej ekspresji genów	K_U03, K_U05, K_U06, K_U12
	U04. Znajduje rozwiązania najczęściej pojawiających się problemów przy analizie danych RNAseq	K_U09, K_U12

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Kompetencje społeczne	K01. Rozumie konieczność uzupełniania wiedzy w oparciu o aktualne dane	K_K01
	K02. W interpretacji zjawisk korzysta z podstaw empirycznych oraz metod statystycznych i narzędzi informatycznych	K_K03
	K03. Ma świadomość swojego własnego spojrzenia na konkretne mechanizmy funkcjonowania RNA	K_K07

Organizacja												
Forma zajęć	Wykład (W)	Ćwiczenia w grupach										
		A		K		L		S		P		E
Liczba godzin	10											

Opis metod prowadzenia zajęć

Podczas wykładów omawiane są realizowane treści, przedstawiane są schematy, zdjęcia, rysunki oraz prezentacje multimedialne, a także demonstracje w czasie rzeczywistym metod analitycznych wykorzystywanych w bioinformatyce RNA.

Formy sprawdzania efektów kształcenia

	E – learning	Gry dydaktyczne	Ćwiczenia w szkole	Zajęcia terenowe	Praca laboratoryjna	Projekt indywidualny	Projekt grupowy	Udział w dyskusji	Referat	Praca pisemna (esej)	Egzamin ustny	Egzamin pisemny	Inne
W01								X					
W02								X					
W03								X					
W04								X					
U01								X					
U02								X					
U03								X					
U04								X					
K01								X					
K02								X					
K03								X					

Kryteria oceny	Uczestnictwo w wykładach, udział w dyskusji i wiedza odnośnie poruszanych tematów.
----------------	--

Uwagi	Kurs prowadzony w języku polskim
-------	----------------------------------

Treści merytoryczne (wykaz tematów)

- 1) Struktura i typy RNA, analizy struktur RNA, format zapisu struktur RNA
- 2) Predykcja struktur drugorzędowych RNA (minimalizacja energii, predykcja z dopasowań wielu sekwencji, ewaluacja predykcji).
- 3) Motywy strukturalne (budowanie motywów, metoda RNAProfile).
- 4) Predykcja struktur 3D (metody predykcji, typy interakcji w strukturze 3D, adnotacja interakcji).
- 5) Predykcja interakcji RNA-RNA.
- 6) Transkryptomika – cele i zastosowania
- 7) Metoda RNAseq (biblioteki, etapy sekwencjonowania, wykorzystywane platformy)
- 8) Standardowy protokół analizy RNAseq

Wykaz literatury podstawowej

Picardi, E. (Ed.). (2015). RNA bioinformatics. Humana Press.

Wykaz literatury uzupełniającej

Hofacker, I. L., Fontana, W., Stadler, P. F., Bonhoeffer, L. S., Tacker, M., & Schuster, P. (1994). Fast folding and comparison of RNA secondary structures. Monatshefte für chemie, 125, 167-167.

Pavesi, G., Mauri, G., Stefani, M., & Pesole, G. (2004). RNAProfile: an algorithm for finding conserved secondary structure motifs in unaligned RNA sequences. Nucleic acids research, 32(10), 3258-3269.

Bilans godzinowy zgodny z CNPS (Całkowity Nakład Pracy Studenta)

liczba godzin w kontakcie z prowadzącymi	Wykład	10
	Konwersatorium (ćwiczenia, laboratorium itd.)	0
	Pozostałe godziny kontaktu studenta z prowadzącym	5
liczba godzin pracy studenta bez kontaktu z prowadzącymi	Lektura w ramach przygotowania do zajęć	5
	Przygotowanie krótkiej pracy pisemnej lub referatu po zapoznaniu się z niezbędną literaturą przedmiotu	0
	Przygotowanie projektu lub prezentacji na podany temat (praca w grupie)	5
	Przygotowanie do egzaminu/zaliczenia	5
Ogółem bilans czasu pracy		30

Liczba punktów ECTS w zależności od przyjętego przelicznika

1
