

## KARTA KURSU

Nazwa	Bioinformatyka genomów
Nazwa w j. ang.	Genome bioinformatics

Koordynator	Dr Grzegorz Migdałek	Zespół dydaktyczny
Punktacja ECTS*	4	

### Opis kursu (cele kształcenia)

Celem kursu jest zapoznanie studentów z zaawansowanymi metodami analizy sekwencji genomowych, najważniejszymi projektami sekwencjonowania i analizy genomów a także z problematyką genomiki porównawczej oraz z metodami konstruowania potoków analitycznych na potrzeby specjalistycznych projektów badawczych

### 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, podstawowe umiejętności posługiwania się systemem operacyjnym Linux
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 projekty sekwencjonowania genomu i tłumaczy ich zastosowanie	K_W01, K_W18, K_W21
	W02. Rozróżnia najważniejsze bazy danych odczytów i sekwencji i wybiera odpowiednią do danego zadania	K_W11
	W03. Charakteryzuje poszczególne etapy mapowania i analizy genomu i tłumaczy ich zastosowanie	K_W02, K_W03, K_W12, K_W13, K_W17
	W04. Na podstawie wykonanej analizy genomu 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 on-line i skryptowymi do przeszukiwania baz danych sekwencji i zestawiania danych w czytelnej formie	K_U01, K_U06
	U02. Wykrywa lokalizacje funkcje genów stosując narzędzia właściwie przez siebie dobrane	K_U05, K_U06
	U03. Konstruuje poprawnie działający potok zadaniowy przeprowadzający pełne mapowanie i analizę sekwencji wysokoprzepustowych	K_U03, K_U05, K_U06, K_U12
	U04. Znajduje rozwiązania najczęściej pojawiających się problemów przy analizie genomu	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 i ewolucji genomu	K_K07

Organizacja										
Forma zajęć	Wykład (W)	Ćwiczenia w grupach								
		A		K		L		S		P
Liczba godzin	10					30				

### Opis metod prowadzenia zajęć

Podczas wykładów omawiane są realizowane treści, przedstawiane są schematy, zdjęcia, rysunki oraz prezentacje multimedialne.

Podczas ćwiczeń studenci zapoznają się w praktyce z metodami przeszukiwania baz danych, analizy wysokoprzepustowych danych oraz analizy całych genomów z użyciem specjalistycznego oprogramowania

### 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			X				X	
W02					X			X				X	
W03					X			X				X	
W04					X			X				X	
U01					X	X							
U02					X	X							
U03					X	X							
U04					X	X							
K01					X	X							
K02					X	X							
K03					X	X							

Kryteria oceny	Warunkiem pozytywnego zaliczenia kursu jest zaliczenie ćwiczeń (końcowy projekt indywidualny) oraz pozytywna ocena z egzaminu pisemnego (50% +1 punktów)
----------------	--

Uwagi

Kurs prowadzony w języku polskim

#### Treści merytoryczne (wykaz tematów)

1. Przeszukiwanie genomowych baz danych: Entrez, EBI, Biomart, Ensembl; dostęp do baz danych w wierszu poleceń (NCBI EDirect)
2. Narzędzia do analizy chromosomów eukariotycznych (UCSC Table Browser, portal Galaxy), wyszukiwanie wzorców DNA (sekwencje repetytywne, wyspy CpG, duplikacje segmentalne, elementy konserwatywne)
3. Analiza danych z sekwencjonowania nowej generacji (baza SRA, pobieranie odczytów, kontrola jakości i filtracja)
4. Mapowanie odczytów sekwencji do genomu referencyjnego (mapowanie odczytów pojedynczych i sparowanych, operacje na plikach BAM), wyszukiwanie i analiza wariantów
5. Analiza ekspresji genów na podstawie danych mikromacierzowych (normalizacja danych, identyfikacja różnicowej ekspresji, hierarchiczna analiza grupowań)
6. Metody identyfikacji genów i ich funkcji
7. Genomika porównawcza i ewolucyjna

#### Wykaz literatury podstawowej

Higgs P.G., Attwood T.K. (2008) Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN  
Mount D.W. (2004) Bioinformatics: sequence and genome analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press

#### Wykaz literatury uzupełniającej

Baxevanis A.D., Ouellette B.F. (2005) Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek. Wydawnictwo Naukowe PWN  
Brown T.A. (2009) Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN  
Polanski A., Kimmel M. (2007) Bioinformatics. Springer  
Migdałek, G., Nowak, J., Saługa, M., Cieślak, E., Szczepaniak, M., Ronikier, M., ... Kuta, E. (2017). No evidence of contemporary interploidy gene flow between the closely related European woodland violets *Viola reichenbachiana* and *V. riviniana* (sect. *Viola*, Violaceae). *Plant Biology*, 1–10.

#### Bilans godzinowy zgodny z CNPS (Całkowity Nakład Pracy Studenta)

liczba godzin w kontakcie z prowadzącymi	Wykład	10
	Konwersatorium (ćwiczenia, laboratorium itd.)	30
	Pozostałe godziny kontaktu studenta z prowadzącym	5
liczba godzin pracy studenta	Lektura w ramach przygotowania do zajęć	5

bez kontaktu z prowadzącymi	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		60
Liczba punktów ECTS w zależności od przyjętego przelicznika		4