

SYLABUS PRZEDMIOTU

1.	Nazwa przedmiotu w języku polskim oraz języku angielskim Analizy ekspresji genów Gene expression analysis
2.	Dyscyplina naukowa Nauki medyczne Inżynieria biomedyczna
3.	Język wykładowy język polski
4.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
5.	Rodzaj przedmiotu obowiązkowy
6.	Kierunek studiów Biotechnologia (specjalność Biologia systemowa i bioinformatyka)
7.	Poziom studiów II stopień
8.	Rok studiów I rok
9.	Semestr semestr letni
10.	Forma zajęć i liczba godzin wykład, 15 godzin ćwiczenia, 30 godzin
11.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu: <ul style="list-style-type: none">• podstawowa wiedza z zakresu genetyki i biologii molekularnej;• podstawowa umiejętność obsługi komputera.
12.	Cele kształcenia dla przedmiotu Głównym celem zajęć jest: <ul style="list-style-type: none">• zrozumienie koncepcji ekspresji genów w oparciu o informacje z badań typu „omika”;• przedstawienie metod analizy ekspresji genów przy pomocy narzędzi bioinformatycznych.

13.

Treści programowe:

WYKŁAD:

- **koncepcja „analizy ekspresji genów”** jako podejścia naukowego opartego na badaniach łączącego informacje z badań typu „omika”;
- **niekodujące RNA w centralnym dogmacie** i ich znaczenie dla ekspresji genów;
- **metody badań ekspresji genów** stosowane w badaniach transkryptomicznych, proteomicznych i metabolomicznych z uwzględnieniem organizmów prokariotycznych, zwierząt i roślin w oparciu o najnowsze trendy;
- **badania transkryptomiczne**, np.: sekwencjonowanie nowej generacji, sekwencjonowanie RNA i mikroRNA, profilowanie rybosomów;
- **analiza ekspresji genów na poziomie całego organizmu i pojedynczej komórki**;
- **badania proteomiczne i metabolomiczne** z zastosowaniem spektrometrii mas;
- **identyfikacja wybranych modyfikacji posttranslacyjnych białek**;
- **korelacja pomiędzy poziomem transkryptów i poziomem białek w organizmach modelowych**;
- **sposoby posttranskrypcyjnej i posttranslacyjnej regulacji ekspresji genów**;
- **serwery biologiczne baz danych opartych na wynikach badań dla modelowych organizmów** prokariotycznych, zwierzęcych i roślinnych.

ĆWICZENIA:

- analiza **jakości danych pochodzących z sekwencjonowania**;
- **wykorzystanie programów do mapowania i pracy z danymi pochodzącymi z wysokoprzepustowego sekwencjonowania**;
- **wizualizacja wyników mapowania**;
- **porównawcza analiza otrzymanych wyników** w celu identyfikacji genów o różnej ekspresji, wizualizacja wyników (mapy ciepła, „volcano plots”, diagramy Venna);
- **analiza i ocena wpływu na procesy biologiczne danych sekwencjonowania miRNA** z użyciem ogólnie dostępnych narzędzi (np. mirDIP);
- **zastosowanie spektrometrii mas do analizy zmian proteomu mitochondriów *Arabidopsis thaliana*** pozbawionych białka błony wewnętrznej w porównaniu do typu dzikiego (WT);
- **porównawcza analiza ilościowa białek** z zastosowaniem oprogramowań bioinformatycznych;
- **wykorzystanie baz danych do interpretacji wyników** i powiązanie ich z informacjami dostępnymi w literaturze naukowej.

14.	<p>Zakładane efekty uczenia się</p> <p>Student:</p> <ul style="list-style-type: none"> • wie jak dokonać jakościowego i ilościowego opisu wyników uzyskanych przy zastosowania wysokoprzepustowego sekwencjonowania; • ma pogłębioną wiedzę z zakresie transkryptomiki i proteomiki; • zna zasady planowania badań z wykorzystaniem wysokoprzepustowego sekwencjonowania; • właściwie dobiera i stosuje narzędzia bioinformatyczne do analizy danych transkryptomicznych i proteomicznych; • wykazuje umiejętność krytycznej analizy i selekcji danych pochodzących z baz sekwencyjnych; • formułuje i testuje hipotezy, planuje i wykonuje zadania badawcze lub ekspertyzy pod kierunkiem opiekuna naukowego; • potrafi współdziałać i pracować w grupie nad planowaniem eksperymentów i rozwiązywaniem problemów; • rozumie potrzebę systematycznego zapoznawania się z literaturą fachową w celu poszerzania i pogłębiania wiedzy, uznaje znaczenie wiedzy w rozwiązywaniu problemów poznawczych i praktycznych. 	<p>Symbole odpowiednich kierunkowych efektów uczenia się:</p> <p>K_W01</p> <p>K_W04</p> <p>K_W07</p> <p>K_U01</p> <p>K_U03</p> <p>K_U04</p> <p>K_U11</p> <p>K_K05</p>
15.	<p>Literatura zalecana:</p> <ul style="list-style-type: none"> • skrypty opracowane przez prowadzących • literatura w ramach wyselekcjonowanych publikacji naukowych dostarczonych przez prowadzących. 	
16.	<p>Metody weryfikacji zakładanych efektów uczenia się:</p> <p>wykład:</p> <ul style="list-style-type: none"> • egzamin pisemny (warunkiem przystąpienia do egzaminu jest uzyskanie oceny pozytywnej z ćwiczeń). <p>ćwiczenia: zadania praktyczne i raport.</p>	
17.	<p>Warunki i forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu:</p> <p>Wymagana obecność na zajęciach.</p> <p>Ćwiczenia: zadania praktyczne (komputerowe i laboratoryjne) oraz pisemny</p>	

	raport z wykonanych ćwiczeń laboratoryjnych; Wykład: pozytywna ocena z egzaminu pisemnego.	
	Nakład pracy studenta wyrażony w godzinach zajęć oraz punktach ECTS	liczba godzin przeznaczona na zrealizowanie danego rodzaju zajęć
	zajęcia (wg planu studiów) z prowadzącym: <ul style="list-style-type: none"> • wykład • ćwiczenia laboratoryjne i komputerowe 	15 godzin 30 godzin
	praca własna studenta: <ul style="list-style-type: none"> • przygotowanie do zajęć • czytanie wskazanej literatury • przygotowanie raportu • przygotowanie do egzaminu 	50 godzin
	Łączna liczba godzin zajęć	95 godzin
	Liczba punktów ECTS: <ul style="list-style-type: none"> • wykład • ćwiczenia 	2 ECTS 2 ECTS