

KARTA PRZEDMIOTU

Nazwa przedmiotu: Genomika funkcjonalna i proteomika (BioAu>SI7GFIP18)

Nazwa w języku polskim:

Nazwa w jęz. angielskim: Functional genomics and Proteomics

Dane dotyczące przedmiotu:

Jednostka oferująca przedmiot: Wydział Automatyki, Elektroniki i Informatyki

Przedmiot dla jednostki: Politechnika Śląska

Cykl dydaktyczny: Semestr zimowy 2021/2022

Koordynator przedmiotu cyklu: Dr hab. inż. Sebastian Student

Domyślny typ protokołu dla przedmiotu:

ZAL

Język wykładowy:

polski

Strona WWW:

<https://platforma2.polsl.pl/rau1/course/view.php?id=127>

Skrócony opis:

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.

Opis:

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 całosciowych 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 predykcję 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

Techniki komputerowe w genomice i proteomice

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 wynikowych
- 8) Sekwencjonowanie

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

Liczba godzin zajęć z bezpośrednim udziałem nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia i studentów
Wykład: 30h
Zaliczenie wykładu: 2h
Liczba godzin przeznaczonych na pracę własną studenta
Przygotowanie do zaliczenia wykładu: 30
Całkowita liczba godzin: 180
Liczba punktów ECTS: 6
w tym
Liczba punktów ECTS uzyskanych w ramach zajęć prowadzonych z bezpośrednim udziałem nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia i studentów: 3,2

Literatura:

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

Efekty uczenia się:

zna pojęcia transkryptomu i proteomu, zasady i metody eksperymentalne używane w oznaczeniach globalnych ekspresji genów
zna zasady wykorzystania danych mikromacierzowych w tworzeniu klasyfikatorów wspomagających diagnostykę medyczną
rozumie trudności i problemy związane z badaniem procesów zachodzących w żywych organizmach
potrafi samodzielnie rozwiązać problem analizy danych oraz potrafi zinterpretować znaczenie biologiczne otrzymanych wyników
potrafi wykorzystywać narzędzia bioinformatyczne dostępne w sieci internetowej do analizy danych mikromacierzowych
potrafi wyjaśnić i przeanalizować dane eksperymentu realtime PCR
rozumie powiązanie procesów chorobowych ze zmianami w genomie

Metody i kryteria oceniania:

Ocena z Laboratorium, Egzamin
Ocena z laboratorium jest średnią ze wszystkich zajęć laboratoryjnych. Wymaganiem jest zaliczenie wszystkich laboratoriów na ocenę pozytywną.
Egzamin składa się z części biologicznej i z części bioinformatycznej.

Praktyki zawodowe:

Brak

Dane dotyczące przedmiotu cyklu:

Domyślny typ protokołu dla przedmiotu cyklu:

ZAL

Szczegóły zajęć i grup

laboratorium (15 godzin)

Dane grup zajęciowych

Grupa numer 1

Prowadzący grupy:

Dr hab. inż. Sebastian Student

Dr inż. Roman Jaksik

Przynależność do grup przedmiotów w cyklach:

Opis grupy przedmiotów	Cykl pocz.	Cykl kon.
Biotechnologia S1 semestr 7 specj. BIO (BioAu>SI7-BIO-18)	2021/2022-Z	

Punkty przedmiotu w cyklach:

<bez przypisanego programu>			
Typ punktów	Liczba	Cykl pocz.	Cykl kon.
Europejski System Transferu Punktów (ECTS)	2	2021/2022-Z	