

KARTA PRZEDMIOTU

Nazwa przedmiotu: Next Generation Sequencing (BioAu>SM3NGS19)

Nazwa w języku polskim:

Nazwa w jęz. angielskim: Next Generation Sequencing

Dane dotyczące przedmiotu:

Jednostka oferująca przedmiot: Wydział Automatyki, Elektroniki i Informatyki

Przedmiot dla jednostki: Politechnika Śląska

Domyślny typ protokołu dla przedmiotu:

ZAL

Język wykładowy:

angielski

Strona WWW:

<https://platforma2.polsl.pl/rau1/course/view.php?id=508>

Skrócony opis:

Celem przedmiotu jest przekazanie studentom wiedzy i umiejętności niezbędnych do analizy danych z wysokoprzepustowych eksperymentów sekwencjonowania. Przedmiot jest kontynuacją przedmiotu NGS z wcześniejszego semestru. Laboratoria będą się składać z praktycznych sesji dotyczących przetwarzania sekwencji RNA i przetwarzania danych pojedynczych komórek.

Opis:

Tryby i godziny nauczania

Laboratorium 15h

Laboratorium:

- 1) Wywoływanie wariantów sekwencji DNA (samtools, bcftools, GATK, SNPeff)
- 2) Analiza danych ekspresji sekwencji RNA i walidacja funkcjonalna (pakiety R dseq2, edge, goseq)
- 3) Analiza danych sekwencjonowania pojedynczych komórek (pakiety R Seurat, scran)

Całkowity nakład pracy wymagany do osiągnięcia efektów uczenia się (godziny kontaktowe / godziny pracy studenta):

Laboratorium 30/30

Suma godzin: 15

Liczba punktów ECTS: 1

Liczba punktów ECTS przeznaczona na godziny zajęć praktycznych (ćwiczenia laboratoryjne, projekty): 1

Literatura:

Mardis ER. Next-generation DNA sequencing methods. Annu Rev Genomics Hum Genet. 2008;9:387-402

Wang, Xinkun. Next-generation sequencing data analysis. CRC Press, 2016.

Goodwin, Sara, John D. McPherson, and W. Richard McCombie. "Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies." Nature Reviews Genetics 17.6 (2016): 333.

Metzker, Michael L. "Sequencing technologies—the next generation." Nature reviews genetics 11.1 (2010): 31.

Trapnell, C., Pachter, L. & Salzberg, S. L. TopHat: discovering splice junctions with RNA-Seq. Bioinformatics 25, 1105–1111 (2009).

Trapnell, C. et al. Transcript assembly and quantification by RNA-Seq reveals unannotated transcripts and isoform switching during cell differentiation. Nat. Biotechnol. 28, 511–515 (2010).

Langmead, B., Trapnell, C., Pop, M. & Salzberg, S. L. Ultrafast and memory-efficient alignment of short DNA sequences to the human genome. Genome Biol. 10, R25 (2009).

Roberts, A., Pimentel, H., Trapnell, C. & Pachter, L. Identification of novel transcripts in annotated genomes using RNA-Seq. Bioinformatics 27, 2325–2329 (2011).

Roberts, A., Trapnell, C., Donaghey, J., Rinn, J. L. & Pachter, L. Improving RNA-Seq expression estimates by correcting for fragment bias. Genome Biol. 12, R22 (2011).

Love MI, Huber W and Anders S. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. Genome Biology, 15, pp. 550 (2014).

Young MD, Wakefield MJ, Smyth GK and Oshlack A. "Gene ontology analysis for RNA-seq: accounting for selection bias." Genome Biology, 11, pp. R14 (2010).

Anders S, Reyes A and Huber W. Detecting differential usage of exons from RNA-seq data. Genome Research, 22, pp. 4025 (2012).

Dobin A, et al. STAR: ultrafast universal RNA-seq aligner. Bioinformatics 29, 15-21 (2012).

Efekty uczenia się:

Student zna różne technologie NGS

Student zna podstawowe pojęcia z zakresu biologii molekularnej i sekwencjonowania wysokoprzepustowego, rozumie różnice między zastosowaniami NGS (np. RNA-seq, DNA-seq, WES, WGS, scRNA-seq)

Student zna schematy analizy i zna metody statystyczne stosowane do analizy

Student zna podstawowe komendy systemu Unix i umie posługiwać się oprogramowaniem do analizy NGS

Student potrafi analizować zestawione dane, wnioskować i podejmować decyzje dotyczące odpowiedniej dalszej analizy

Student potrafi wykorzystywać zaawansowane modele statystyczne do analizy przetworzonych danych NGS

Potrafi sprawnie korzystać ze źródeł literatury angielskiej

Potrafi współpracować w grupie, działać twórczo i samodzielnie podejmować decyzje dotyczące wyboru właściwych metod analizy

Wiedza

K2A_W04

ma ugruntowaną i poszerzoną wiedzę z zakresu wybranej specjalności obejmujące biotechnologię ścieków, odpadów, programowanie inżynierskie w biotechnologii, związki biologicznie aktywne oraz biomateriały

K2A_W09

ma rozszerzoną wiedzę dotyczącą metod i technik molekularnych wykorzystywanych w biotechnologii
K2A_W10
ma wiedzę na temat zagadnień dotyczących bioróżnorodności gatunkowej oraz z zakresu genetyki
K2A_W11
zna aktualne trendy rozwoju biotechnologiczne procesów przemysłowych, ma pogłębioną wiedzę o trendach rozwojowych dotyczących technik laboratoryjnych, analitycznych oraz technologii aplikacyjnych z zakresu biotechnologii
K2A_W17
ma pogłębioną wiedzę w zakresie metod statystycznych i rozumie potrzebę ich stosowania w analizie danych
K2A_W19
ma pogłębioną i uporządkowaną wiedzę w zakresie technik i metod budowania modeli matematycznych dla prostych i złożonych systemów biologicznych i biotechnologicznych

Umiejętności:
K2A_U01
posiada umiejętność pozyskiwania i krytycznej oceny informacji z literatury, baz danych i innych źródeł oraz formułowania na tej podstawie raportów i opinii, które wyczerpująco uzasadnia
K2A_U02
potrafi biegle posługiwać się językiem angielskim i korzysta z informacji źródłowych w tym języku
K2A_U06
ma umiejętności językowe zgodnie z wymaganiami określonymi dla poziomu B2+ Europejskiego Systemu Opisu Kształcenia Językowego. Wykazuje umiejętność swobodnego posługiwania się terminologią anglojęzyczną z zakresu biotechnologii
K2A_U10
posługuje się metodami matematycznymi i statystycznymi do opisu zjawisk przyrodniczych i analizy danych
K2A_U26
posiada umiejętność wykorzystywania wiedzy nabytej w ramach specjalności w działalności zawodowej

Kompetencje społeczne
K2A_K01
rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie, przede wszystkim w celu podnoszenia swoich kompetencji zawodowych i osobistych
K2A_K02
potrafi współdziałać pracować w grupie przyjmując różne role
K2A_K03
potrafi określić priorytety oraz identyfikować i rozstrzygać dylematy związane z realizacją określonego przez siebie i innych zadania
K2A_K06
ma świadomość roli społecznej absolwenta uczelni technicznej, a zwłaszcza rozumie potrzebę formułowania i przekazywania społeczeństwu –m.in. poprzez środki masowego przekazu –informacji i opinii dotyczących osiągnięć techniki i innych aspektów działalności inżyniera: podejmuje starania, aby przekazać takie informacje i opinie w sposób powszechnie zrozumiały

Metody i kryteria oceniania:
Raporty z prac laboratoryjnych.
Kryteria zaliczenia: minimum 40% z każdego tematu laboratoryjnego

Przynależność do grup przedmiotów w cyklach:

Opis grupy przedmiotów	Cykl pocz.	Cykl kon.
Biotechnologia S2 semestr 3 specj. BIO (BioAu>SM3-BIO-19)	2020/2021-L	

Punkty przedmiotu w cyklach:

<bez przypisanego programu>			
Typ punktów	Liczba	Cykl pocz.	Cykl kon.
Europejski System Transferu Punktów (ECTS)	1	2020/2021-L	