

## Opis zajęć (syllabus)

Nazwa zajęć:	Genomika strukturalna i funkcjonalna	ECTS	3
Nazwa zajęć w j. angielskim:	Structural and functional genomics		
Zajęcia dla kierunku studiów:	Biotechnologia		

Język wykładowy: polski	Poziom studiów: II		
Forma studiów: <input checked="" type="checkbox"/> stacjonarne <input type="checkbox"/> niestacjonarne	Status zajęć: <input type="checkbox"/> podstawowe <input checked="" type="checkbox"/> obowiązkowe <input checked="" type="checkbox"/> kierunkowe <input type="checkbox"/> do wyboru	Numer semestru: I	<input type="checkbox"/> semestr zimowy <input checked="" type="checkbox"/> semestr letni
Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik):	2022/2023	Numer katalogowy:	BBT_BT-2S-1L-5

Koordynator zajęć:	Prof. dr hab. Grzegorz Bartoszewski, Dr inż. Magdalena Pawełkowicz		
Prowadzący zajęcia:	Prof. dr hab. Grzegorz Bartoszewski, Dr inż. Magdalena Pawełkowicz, pracownicy i doktoranci KGHIBR		
Założenia, cele i opis zajęć:	<p><b>Genomika jest szybko rozwijającą się nauką, która zajmuje się analizą genomów organizmów. Wyróżnia się dwa podstawowe działy genomiki - genomikę strukturalną i genomikę funkcjonalną. Genomika strukturalna zajmuje się przede wszystkim badaniem struktury i ewolucji genomów zaś genomika funkcjonalna poznawaniem ich funkcji, a jej głównymi działami są transkryptomika, proteomika i metabolomika. Innym szybko rozwijającym się działem genomiki jest metagenomika. Przedmiot obejmuje część wykładową i ćwiczeniową. W ramach wykładów przedstawiane są główne działy, metody i koncepcje genomiki zarówno strukturalnej jak i funkcjonalnej. Część ćwiczeniowa poświęcona jest wybranym metodom analizy genomów.</b></p> <p><b>Tematyka wykładów: (1) Definicja, historia i głównie działy genomiki strukturalnej i funkcjonalnej. (2) Metagenomika. (3) Wielkość genomów, cytogenomika i mapowanie fizyczne genomów. (4) Wysokoprzepustowe technologie mapowania genetycznego. Mapowanie asocjacyjne. (5) Architektura genomów i ich złożoność - wybrane przykłady. (6) Strategie sekwencjonowania genomów. Biblioteki długich fragmentów DNA. Składanie i adnotacja genomów.(7) Technologie sekwencjonowania i resekwenecjonowania genomów: Sanger, 454, Illumina, SOLiD, Ion Torrent, PacBio, Oxford Nanopore i inne. (8) Analiza transkryptomów: mikromacierze, RNA-seq, Chip-seq i miRNA-seq. (9) Proteomika i jej główne działy. Metody badawcze proteomiki: elektroforeza 2D i spektrometria mas, mikromacierze białkowe. (10) Badanie interakcji białkowych in vitro i in vivo. Prezentacja fagowa, drożdżowe systemy hybrydowe (Y2H i inne), chromatografia powinowactwa, FRET i BiFC. Sieci interakcji białkowych. (11) Złożoność metabolomu i podstawowe metody wykorzystywane w metabolomice. (12) Wprowadzenie do biologii systemów.</b></p> <p><b>Tematyka ćwiczeń: (1) Szkolenie z obsługi MOODLE, Izolacja HMW DNA wykorzystanie do sekwencjonowania i tworzenia bibliotek BAC, przegląd wektorów do konstrukcji bibliotek BAC, elektroforeza pulsacyjna PFGE (2) Składanie genomów i adnotacja strukturalna: assembling genomu, maskowanie sekwencji powtarzalnych, identyfikacja elementów regulatorowych, ewaluacja i konsolidacja predykcji. (3) Adnotacja funkcjonalna i klasyfikacja ontologiczna genów. Przyczyny błędów w adnotacji funkcjonalnej. (4) Analiza strukturalna i funkcjonalna białek. (5) Analiza danych RNA-seq i identyfikacja genów ulegających zmienionej ekspresji (program CLC Genomics Workbench).</b></p>		
Formy dydaktyczne, liczba godzin:	a) Wykłady .....; liczba godzin ...20; b) Ćwiczenia laboratoryjne.....; liczba godzin ...17; c) Ćwiczenia projektowe .....; liczba godzin ....3;		
Metody dydaktyczne:	Wykłady z wykorzystaniem prezentacji multimedialnych, demonstracje laboratoryjne, ćwiczenia w pracowni bioinformatycznej, wykorzystanie systemu e-learningowego, możliwość wykorzystania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych		
Wymagania formalne i założenia wstępne:	Wymagania formalne: Genetyka, inżynieria genetyczna, biologia molekularna, podstawy bioinformatyki, założenia wstępne: Student powinien znać podstawy genetyki, biologii molekularnej, inżynierii genetycznej oraz bioinformatyki		

Efekty uczenia się:		treść efektu przypisanego do zajęć:	Odniesienie do efektu. kierunkowego	Siła dla ef. kier*
Wiedza: (absolwent zna i rozumie)	W1	student definiuje podstawowe pojęcia z zakresu genomiki oraz charakteryzuje główne działy genomiki	K_W02 K_W04 K_W06 K_W07	2 2 3 1
	W2	Student charakteryzuje narzędzia i metody wykorzystywane w genomice	K_W01 K_W06 K_W07 K_W1	2 3 1 1
	W3	student zna problematykę pracy z długimi fragmentami DNA	K_W03 K_W04 K_W06 K_W12	1 2 3 1
Umiejętności: (absolwent potrafi)	U1	otrąfi dobierać metody bioinformatyczne na potrzeby analiz genomicznych	K_U01 K_U02 K_U03 K_U04 K_U20 K_U21	3 2 2 2 3 1
	U2	potrafi opracowywać wyniki analizy genomicznej	K_U01 K_U03 K_U04 K_U20 K_U21	3 2 2 3 1
Kompetencje: (absolwent jest gotów do)	K1	student jest gotowy aby wykonać prostą analizę strukturalną i funkcjonalną genomu	K_K02	2
Treści programowe zapewniające uzyskanie efektów uczenia się:		Główne działy, metody i koncepcje genomiki zarówno strukturalnej (badaniem struktury i ewolucji genomów) jak i funkcjonalnej (transkryptomika, proteomika i metabolomika). Zagadnienia takie jak:) Metagenomika. Wielkość genomów, cytogenomika i mapowanie fizyczne genomów. Wysokopręciowe technologie mapowania genetycznego. Mapowanie asocjacyjne. Architektura genomów i ich złożoność. Strategie sekwencjonowania genomów. Biblioteki długich fragmentów DNA. Składanie i adnotacja genomów. Technologie sekwencjonowania i resekwencjonowania genomów: Sanger, 454, Illumina, SOLiD, Ion Torrent, PacBio, Oxford Nanopore i inne. Analiza transkryptomów: mikromacierze, RNA-seq, Chip-seq i miRNA-seq. Proteomika i jej główne działy. Metody badawcze proteomiki: elektroforeza 2D i spektrometria mas, mikromacierze białkowe. Badanie interakcji białkowych in vitro i in vivo. Prezentacja fagowa, drożdżowe systemy hybrydowe (Y2H i inne), chromatografia powinowactwa, FRET i BiFC. Sieci interakcji białkowych. Złożoność metabolomu i podstawowe metody wykorzystywane w metabolomice. Wprowadzenie do biologii systemów		
Sposób weryfikacji efektów uczenia się:		Efekt W1-3 - egzamin pisemny; Efekt W3, U1, U2 – kolokwium pisemne. Efekt U1, U2, K1 - projekt dotyczący wykonania adnotacji strukturalnej i funkcjonalnej na danych genomowych. Efekt W1-3, U1-2, K1 – zaliczenie lekcji e-learnig i zadań na platformie MOODLE możliwość wykorzystania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych		
Szczegóły dotyczące sposobów weryfikacji i form dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się:		Treść pytań z egzaminu pisemnego, treści kolokwium, treść opracowania analizy bioinformatycznej danych genomicznych, zaliczenia lekcji e-learnigowych i zadań na platformie MOODLE		
Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową:		Do weryfikacji efektów kształcenia służą: 1. Ocena z egzaminu pisemnego. 2. Ocena z kolokwium. 3. Ocena opracowania analizy bioinformatycznej genomu. 4. Ocena z zaliczenia zadań i lekcji e-learningowych Dla każdego z tych elementów określana jest maksymalna liczba punktów do uzyskania. Student, który uzyskał z każdego elementu (1, 2, 3 i 4) przynajmniej 50% punktów zalicza przedmiot. Wystawiane są oceny z części ćwiczeniowej i z części wykładowej w zależności od uzyskanych punktów (skala poniżej). Ocena końcowa jest średnią ocen z części ćwiczeniowej i wykładowej. Skala stosowana podczas wystawiania ocen: 51-60% pkt ocena 3.0, 61-70% pkt ocena 3.5, 71-80% pkt ocena 4.0, 81-90% pkt ocena 4.5, 91-100% pkt ocena 5.0.		
Miejsce realizacji zajęć:		Sala wykładowa, laboratorium biologii molekularnej i genomiki, pracownia bioinformatyczna, platforma MOODLE		
Literatura podstawowa i uzupełniająca <sup>23)</sup> :				
1. Brown TA, Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN; wydanie II, 2009.				
2. Lesk A. Introduction to Genomics. Wydawnictwo Oxford University Press, 2007.				
3. Campbell A.M., Heyer L.J. Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics. Wydawnictwo Benjamin Cummings; wydanie II, 2006.				
4. Briat J.F. Functional Plant Genomics. Wydawnictwo: Science Publishers, 2007.				
5. Polecane na bieżąco przez prowadzącego artykuły z pism naukowych krajowych i zagranicznych.				
UWAGI				

\*) 3 – zaawansowany i szczegółowy, 2 – znaczący, 1 – podstawowy.

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot:

Szacunkowa sumaryczna liczba godzin pracy studenta (kontaktowych i pracy własnej) niezbędna dla osiągnięcia zakładanych dla zajęć efektów uczenia się - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS:	<b>77</b>
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia:	<b>1,6</b>

