



SZKOŁA GŁÓWNA  
GOSPODARSTWA  
WIEJSKIEGO

## Metodologia analizy genomów mikroorganizmów

### Karta opisu przedmiotu

#### Informacje podstawowe

<b>Kierunek studiów</b> biologia	<b>Cykl dydaktyczny</b> 2023/24	
<b>Specjalność</b> Mikrobiologia	<b>Kod przedmiotu</b> BBTBMBS_D.28K.63060ccb81cd1.23	
<b>Jednostka organizacyjna</b> Wydział Biologii i Biotechnologii	<b>Języki wykładowe</b> Polski	
<b>Poziom studiów</b> studia drugiego stopnia (magister)	<b>Obligatoryjność</b> Przedmioty do wyboru	
<b>Forma studiów</b> studia stacjonarne	<b>Blok zajęciowy</b> Przedmioty kierunkowe	
<b>Profil studiów</b> ogólnoakademicki	<b>Dyscypliny</b> Nauki biologiczne	
<b>Koordynator</b>	Małgorzata Dudkiewicz	
<b>Prowadzący</b>	Małgorzata Dudkiewicz	
<b>Okres</b> Semestr 4	<b>Forma zaliczenia</b> Zaliczenie na ocenę	<b>Liczba punktów ECTS</b> 3
	<b>Forma prowadzenia i godziny zajęć</b> Wykład: 15 Ćwiczenia laboratoryjne: 30	

## Cele kształcenia dla przedmiotu

Kod	Cel
C1	Celem ogólnym przedmiotu jest zapoznanie studentów z technikami analizy sekwencji DNA genomów bakterii, plazmidów i bakteriofagów, oraz wybranymi metodami analizy genomów mikroorganizmów eukariotycznych, z wymaganiami i standardami przygotowania adnotacji oraz weryfikacji i korekty adnotacji, z ogólnie dostępnym w sieci oprogramowaniem do analizy i adnotacji genomów, bazami danych genomowych. Dodatkowym celem jest uświadomienie studentom problemów wynikających ze współczesnych technologii sekwencjonowania i składania sekwencji, a także sposobami oceny i weryfikacji poprawności składek sekwencji genomowych.

## Wymagania wstępne

Podstawowa znajomość obsługi komputera, zaliczenie przedmiotu: Genetyka i Biotechnologia Molekularna Bakterii, Bioinformatyka.

## Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
<b>Wiedzy - Student zna i rozumie:</b>			
W1	jakie rodzaje informacji można uzyskać metodami analizy bioinformatycznej sekwencji genomów bakteryjnych.	B_K2_W01, B_K2_W03, B_K2_W04, B_K2_W05	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
W2	ogólne zasady działania algorytmów do identyfikacji genów kodujących białka oraz różne rodzaje RNA, a także do identyfikacji funkcjonalnych sekwencji genomowych.	B_K2_W01, B_K2_W02, B_K2_W03, B_K2_W04	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
W3	sposoby weryfikowania poprawności wyników sekwencjonowania i składania sekwencji genomowych.	B_K2_W01, B_K2_W02, B_K2_W03, B_K2_W04, B_K2_W05	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
W4	standardy adnotacji sekwencji genomowych oraz problemy związane z adnotacjami.	B_K2_W01, B_K2_W02, B_K2_W03	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
W5	różnice pomiędzy różnymi metodami adnotacji funkcjonalnych i porównywania genomów.	B_K2_W02, B_K2_W03, B_K2_W04, B_K2_W05	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
<b>Umiejętności - Student potrafi:</b>			
U1	zidentyfikować w sekwencjach genomów lub ich fragmentów geny kodujące białka, strukturalne, transportujące i regulatorowe RNA oraz jednostki transkrypcyjne i rejony potencjalnie wiążące białka regulatorowe.	B_K2_U01, B_K2_U06	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
U2	weryfikować poprawność podstawowych adnotacji genomów bakteryjnych.	B_K2_U01, B_K2_U04	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
U3	samodzielnie napisać skrypt służący do określenia globalnych charakterystyk przykładowego genomu.	B_K2_U06	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć

U4	określić przynależność taksonomiczną na podstawie analizy genomu lub dużych fragmentów genomu.	B_K2_U06, B_K2_U07	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
U5	dokonać globalnej analizy statystycznej i funkcjonalnej genomu.	B_K2_U07, B_K2_U08	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
U6	pracować w zespole i dyskutować problemy związane z metodami i wynikami analizy sekwencji in silico na forum grupy.	B_K2_U12, B_K2_U14	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć
<b>Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:</b>			
K1	pracy w zespole i dyskusji na temat problemów związanych z metodami i wynikami analizy sekwencji in silico.	B_K2_K01, B_K2_K02, B_K2_K03, B_K2_K04	Projekt, Ocena aktywności podczas zajęć

### Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu	Formy prowadzenia zajęć
1.	Informacje możliwe do pozyskania na podstawie analizy sekwencji DNA genomowego. Teoria dopasowania sekwencji.	W1, U1	Wykład, Ćwiczenia laboratoryjne
2.	Metody przewidywania cech na bazie danych sekwencyjnych. Modele HMM i sieci neuronowe, metody identyfikacji genów kodujących białka. Wady i zalety metod identyfikacji. Weryfikacja uzyskanych danych. Identyfikacja genów kodujących strukturalne, transportowe i regulacyjne cząsteczki RNA. Rola doboru parametrów analizy.	W1, W2, W3, U1, U2, U4, U6	Wykład, Ćwiczenia laboratoryjne
3.	Identyfikacja funkcjonalnych sekwencji DNA: rejony inicjacji i terminacji replikacji, rejony inicjacji i terminacji transkrypcji. Dostępne metody identyfikacji funkcjonalnych sekwencji DNA in silico. Wady i zalety poszczególnych metod (2h); Identyfikacja rejonów DNA wiążących białka regulatorowe. Dostępne oprogramowanie i szkice różnic pomiędzy stosowanymi algorytmami. Różne podejścia do identyfikacji miejsc wiążących specyficzne i globalne regulatory. Porównanie wyników analiz in silico z danymi empirycznymi.	W1, W2, W4, U1, U2	Wykład, Ćwiczenia laboratoryjne
4.	Standardy adnotacji sekwencji genomowych. Wymagane minima plików z adnotacjami. Dostępne oprogramowanie do przygotowywania i korekty adnotacji. Przegląd tzw. „pipelines” do automatycznych adnotacji - wady i zalety poszczególnych systemów. Ewaluacja poprawności adnotacji; Problemy poprawności danych otrzymanych z wykorzystaniem różnych metod sekwencjonowania. Problemy wynikające z metod składania i metody weryfikacji poprawności składek. Całościowa analiza funkcjonalna genomów.	W1, W2, U4, U5, K1	Wykład, Ćwiczenia laboratoryjne

5.	Identyfikacja przynależności do taksonów na podstawie analiz fragmentów sekwencji, weryfikacja otrzymanych danych; Globalna analiza funkcjonalna dużych fragmentów lub całych genomów za pomocą skryptów ; Adnotacje specyficznych rejonów genomu - porównanie wyników otrzymanych z wykorzystaniem różnych programów; Walidacja przygotowanych plików z adnotacjami pod kątem poprawności - rodzaje błędów i ich korekta. Wizualizacja map genowych - przegląd ogólnie dostępnych programów.	W3, W4, W5, U2, U3, U5, K1	Wykład, Ćwiczenia laboratoryjne
----	-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	----------------------------	---------------------------------

## Informacje dodatkowe

Forma zajęć	Metody prowadzenia zajęć
Wykład	Wykład tradycyjny, Wykład problemowy, Prezentacja
Ćwiczenia laboratoryjne	Rozwiązywanie zadań, Metoda problemowa, Metoda projektu, Wnioskowanie, Praca zespołowa, Praca indywidualna

Forma zajęć	Metoda weryfikacji	Udział
Wykład	Ocena aktywności podczas zajęć	20.00%
Ćwiczenia laboratoryjne	Projekt	80.00%

Forma zajęć	Warunki zaliczenia przedmiotu
Wykład	Obecność, aktywność i uczestniczenie w dyskusji na zajęciach.
Ćwiczenia laboratoryjne	Terminowe oddanie projektu zawierającego wskazane punkty analizy zadanej sekwencji.

## Literatura

### Obowiązkowa

1. A. Baxevanis, B.F. Francis Ouelette: Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2004, 8301142111
2. T.A. Brown. Genomy, rozdział 5. Zrozumieć sekwencje genomu, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2019
3. J. Xiong. Podstawy Bioinformatyki. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, 2011

### Dodatkowa

1. J.Soh, P.M.K. Gordon, C. Sensen. Genome Annotation. CRC Press 2012.
2. D.Frushman, A.Valencia. Modern Genome Annotation: The Biosapiens Network. Springer 2008.

## Rozliczenie punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane aktywności
Wykład	15
Ćwiczenia laboratoryjne	30
Przygotowanie projektu	25

Przygotowanie raportu	5
<b>Łączny nakład pracy studenta</b>	<b>Liczba godzin</b> 75
<b>Liczba punktów ECTS</b>	<b>ECTS</b> 3

\* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

## Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
B_K2_K01	Absolwent jest gotów do prawidłowego identyfikowania i rozstrzygnięcia dylematów związanych z wykonywaną pracą
B_K2_K02	Absolwent jest gotów do współdziałania i pracy w grupie, przyjmowania w niej różnych ról oraz brania odpowiedzialności za jej działania
B_K2_K03	Absolwent jest gotów do kształcenia ustawicznego, stałego aktualizowania wiedzy biologicznej, krytycznej samooceny oraz stałej weryfikacji posiadanej wiedzy i korzystania z opinii ekspertów
B_K2_K04	Absolwent jest gotów do podnoszenia kompetencji zawodowych i osobistych istotnych w działaniu na rzecz środowiska społecznego i w interesie publicznym
B_K2_U01	Absolwent potrafi w pogłębionym stopniu wykorzystywać zaawansowane techniki i narzędzia badawcze w zakresie dyscyplin naukowych właściwych dla biologii
B_K2_U04	Absolwent potrafi w zaawansowanym stopniu krytycznie selekcjonować i analizować informacje zwłaszcza ze źródeł elektronicznych
B_K2_U06	Absolwent potrafi wykorzystywać metody statystyczne oraz algorytmy i techniki informatyczne do opisu zjawisk i analizy danych
B_K2_U07	Absolwent potrafi zbierać i interpretować dane empiryczne oraz formułować prawidłowe wnioski
B_K2_U08	Absolwent potrafi formułować uzasadnione sądy na podstawie danych pochodzących z różnych źródeł
B_K2_U12	Absolwent potrafi współdziałać i pracować w zespole przyjmując w nim różne role w tym rolę wiodącą
B_K2_U14	Absolwent potrafi uzasadniać innym i realizować samemu postulat ustawicznego uczenia się
B_K2_W01	Absolwent zna i rozumie w pogłębiony sposób wybrane kategorie pojęciowe i terminologię biologiczną, definiuje kierunkowe problemy, planuje badania z wykorzystaniem technik i narzędzi stosowanych w biologii
B_K2_W02	Absolwent zna i rozumie aktualne problemy z zakresu biologii oraz ich powiązania z innymi dyscyplinami przyrodniczymi
B_K2_W03	Absolwent zna i rozumie znaczenie metod matematycznych i statystycznych dla właściwej interpretacji zjawisk i procesów biologicznych
B_K2_W04	Absolwent zna i rozumie metody statystyczne i informatyczne na poziomie prognozowania i modelowania zjawisk i procesów biologicznych
B_K2_W05	Absolwent zna i rozumie w pogłębionym stopniu zjawiska i procesy zachodzące w przyrodzie w oparciu o szczegółową wiedzę o budowie i funkcjonowaniu organizmów