



UNIwersYTET  
IM. ADAMA MICKIEWICZA  
W POZNANIU

## Wysokoprzepustowe techniki analizy DNA i RNA Sylabus zajęć

### Informacje podstawowe

<b>Kierunek studiów</b> Biotechnologia	<b>Cykl dydaktyczny</b> 2022/23	
<b>Specjalność</b> -	<b>Kod zajęć</b> WBBTES.120N.62861009d2996.22	
<b>Jednostka organizacyjna</b> Wydział Biologii	<b>Języki wykładowe</b> Polski	
<b>Poziom studiów</b> Studia pierwszego stopnia	<b>Obligatoryjność</b> Obowiązkowy	
<b>Forma studiów</b> Studia stacjonarne	<b>Blok zajęciowy</b> Przedmioty nieprzypisane	
<b>Profil studiów</b> Profil ogólnoakademicki		
<b>Koordinator zajęć</b>	Izabela Makałowska	
<b>Prowadzący zajęcia</b>	Izabela Makałowska, Joanna Ciomborowska-Basheer	
<b>Okres</b> Semestr 6	<b>Forma zajęć / liczba godzin / forma zaliczenia</b> • Wykład: 15, Egzamin • Ćwiczenia: 45, Zaliczenie z oceną	<b>Liczba punktów ECTS</b> 5

## Cele kształcenia dla zajęć

Kod	Cel
C1	Zdobycie wiedzy na temat podstawowych technik sekwencjonowania wysokoprzepustowego
C2	Zrozumienie różnic pomiędzy podstawowymi technikami wysokoprzepustowymi wykorzystywanymi w badaniach genomów, transkryptomów, modyfikacjach DNA, interakcjach białko-DNA i białko-RNA
C3	Zdobycie wiedzy na temat narzędzi bioinformatycznych i praktycznych umiejętności ich wykorzystania w analizach danych z sekwencjonowania DNA i RNA
C4	Zdobycie umiejętności wykorzystywania specjalistycznej literatury i baz danych w badaniach genomicznych, transkryptomicznych i proteomicznych

## Wymagania wstępne

Podstawowa wiedza z zakresu biologii molekularnej

## Efekty uczenia się dla zajęć

Kod	Efekty uczenia się dla zajęć w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się dla zajęć
<b>Wiedzy - Student zna i rozumie:</b>			
W1	wysokoprzepustowe metody sekwencjonowania i analizy ekspresji genów	BTE_K1_W07	Egzamin pisemny, Kolokwium pisemne
W2	podstawowe zasady analizy bioinformatycznej genomów i transkryptomów	BTE_K1_W01	Egzamin pisemny, Kolokwium pisemne, Raport
W3	różnice pomiędzy technikami mającymi na celu analizy metylacji, asocjacji z rybosomami, oddziaływań białko-DNA, oddziaływań białko-RNA, modyfikacji histonów	BTE_K1_W07	Egzamin pisemny
W4	zasady projektowania eksperymentów wykorzystujących techniki wysokoprzepustowe	BTE_K1_W07	Egzamin pisemny, Raport
<b>Umiejętności - Student potrafi:</b>			
U1	wskazać właściwe podejścia wysokoprzepustowe do różnych aspektów badań genomicznych i transkryptomicznych	BTE_K1_U05	Egzamin pisemny, Kolokwium pisemne
U2	zasugerować właściwe narzędzia i rozwiązania do analiz bioinformatycznych danych z wysokoprzepustowego sekwencjonowania	BTE_K1_U01	Egzamin pisemny, Kolokwium pisemne, Raport
U3	przygotować materiał i bibliotekę NGS oraz przeprowadzić sekwencjonowanie na aparacie MinION (ONT)	BTE_K1_U03, BTE_K1_U09	Raport
U4	wykonać analizę, obróbkę i wizualizację danych sekwencjonowania wysokoprzepustowego i zinterpretować uzyskane wyniki	BTE_K1_U01	Kolokwium pisemne, Raport
U5	uczestniczyć w dyskusjach naukowych dotyczących technik stosowanych w genomice i transkryptomice i krytycznie ocenia wyniki badań	BTE_K1_U06	Egzamin pisemny

**Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:**

K1	poszerzania swojej wiedzy w zakresie wysokoprzepustowych technologii i krytycznej oceny aplikacji tych metod	BTE_K1_K01, BTE_K1_K02	Egzamin pisemny
----	--	---------------------------	-----------------

**Treści programowe dla zajęć**

Lp.	Treści programowe dla zajęć	Efekty uczenia się dla zajęć	Formy zajęć
1.	Nowoczesne techniki sekwencjonowania RNA i DNA	W1, K1	Wykład, Ćwiczenia
2.	Mikromacierze - technologia i możliwości aplikacyjne	W1, U5	Wykład
3.	Wysokoprzepustowe metody badania genomów, transkryptomów i exomów - wyzwania związane z analizą danych	W1, W2, U1, U4	Wykład, Ćwiczenia
4.	Specjalistyczne techniki i aplikacje : RNA-seq, smallRNA-seq, ChIP-seq, RIBO-seq, BS-seq, GRO-seq	W2, W3, U2, U5, K1	Wykład, Ćwiczenia
5.	Sekwencjonowanie i analiza mikrobiomu z wykorzystaniem technologii trzeciej generacji (MinION)	W2, W4, U2, U3	Ćwiczenia
6.	Istotne aspekty projektowania wysokoprzepustowych eksperymentów	W4, U5	Wykład, Ćwiczenia

**Informacje dodatkowe**

Forma zajęć	Metody i formy prowadzenia zajęć
Wykład	Wykład z prezentacją multimedialną wybranych zagadnień, Wykład problemowy
Ćwiczenia	Wykład z prezentacją multimedialną wybranych zagadnień, Metoda ćwiczeniowa, Metoda laboratoryjna, Praca w grupach

Forma zajęć	Warunki zaliczenia zajęć
Wykład	bardzo dobry (bdb; 5,0): Minimum 95% punktów na egzaminie dobry plus (+db; 4,5): Minimum 85% punktów na egzaminie dobry (db; 4,0): Minimum 75% punktów na egzaminie dostateczny plus (+dst; 3,5): Minimum 65% punktów na egzaminie dostateczny (dst; 3,0): Minimum 60% punktów na egzaminie niedostateczny (ndst; 2,0): Poniżej 60% punktów na egzaminie
Ćwiczenia	bardzo dobry (bdb; 5,0): Minimum 95% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty dobry plus (+db; 4,5): Minimum 85% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty dobry (db; 4,0): Minimum 75% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty dostateczny plus (+dst; 3,5): Minimum 65% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty dostateczny (dst; 3,0): Minimum 60% punktów na kolokwium i oddane wszystkie raporty niedostateczny (ndst; 2,0): Poniżej 60% punktów na kolokwium, brak raportów

**Literatura****Obowiązkowa**

1. Wprowadzenie do bioinformatyki, Arthur Lesk, Wydanie 1, Warszawa 2019, Wydawnictwo Naukowe PWN

## Nakład pracy studenta i punkty ECTS

Rodzaje zajęć studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
Wykład	15
Ćwiczenia	45
Przygotowanie do zajęć	15
Przygotowanie raportu	20
Przygotowanie do egzaminu	20
Przygotowanie do zaliczenia	20
Czytanie wskazanej literatury	10
<b>Łączny nakład pracy studenta</b>	<b>Liczba godzin</b> 145
<b>Liczba punktów ECTS</b>	<b>ECTS</b> 5

\* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

## Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
BTE_K1_K01	Absolwent jest gotów do krytycznej oceny posiadanej wiedzy i odbieranych treści z zakresu biologii i biotechnologii
BTE_K1_K02	Absolwent jest gotów do poszerzania i aktualizowania wiedzy z zakresu biotechnologii i dziedzin pokrewnych
BTE_K1_U01	Absolwent potrafi stosować metody matematyczne, statystyczne i bioinformatyczne do opisu i analizy danych biologicznych
BTE_K1_U03	Absolwent potrafi stosować podstawowe techniki wykorzystywane w laboratoriach biologii molekularnej i biotechnologii
BTE_K1_U05	Absolwent potrafi proponować rozwiązania problemów biologicznych z zastosowaniem nowoczesnych metod biologii molekularnej i biotechnologii
BTE_K1_U06	Absolwent potrafi brać udział w dyskusji naukowej w oparciu o posiadaną wiedzę
BTE_K1_U09	Absolwent potrafi podejmować zróżnicowane role w zespole oraz efektywnie współdziałać w grupie w zakresie zdobywania wiedzy i umiejętności
BTE_K1_W01	Absolwent zna i rozumie metody matematyczne, statystyczne i bioinformatyczne w zakresie niezbędnym do opisu i analizy danych biologicznych
BTE_K1_W07	Absolwent zna i rozumie nowoczesne metody stosowane w biotechnologii oraz analizie i inżynierii biocząsteczek