



Analiza danych pochodzących z sekwencjonowania następnej generacji  
Karta opisu przedmiotu

**Informacje podstawowe**

<b>Kierunek studiów</b> Bioinformatyka	<b>Cykl kształcenia</b> 2024/25	
<b>Specjalność</b> -	<b>Kod przedmiotu</b> BD000000BBIS.MI1B.0030.24	
<b>Jednostka organizacyjna</b> Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt	<b>Języki wykładowe</b> polski	
<b>Poziom studiów</b> studia drugiego stopnia (magister inżynier)	<b>Obligatoryjność</b> Obowiązkowy	
<b>Forma studiów</b> stacjonarne	<b>Blok zajęciowy</b> Przedmioty kierunkowe	
<b>Profil studiów</b> ogólnoakademicki	<b>Dyscypliny</b> Zootechnika i rybactwo	
	<b>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi</b> Tak	
	<b>Przedmiot kształtujący umiejętności praktyczne</b> Nie	
<b>Nauczyciel akademicki odpowiedzialny za przedmiot</b>	Joanna Szyda	
<b>Pozostali prowadzący</b>	Joanna Szyda, Magda Mielczarek	
<b>Okres</b> Semestr 1	<b>Forma zaliczenia</b> Zaliczenie na ocenę	<b>Liczba punktów ECTS</b> 2.0
	<b>Forma prowadzenia i godziny zajęć</b> Wykład: 15 Ćwiczenia laboratoryjne: 30	

**Cele kształcenia dla przedmiotu**

C1	Kurs wyjaśnia poszczególne etapy analizy bioinformatycznej danych pochodzących z sekwencjonowania całych genomów.
----	---

## Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty uczenia się w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
<b>Wiedzy - Student zna i rozumie:</b>			
W1	zagadnienia dotyczące badań biologicznych i metod analizy danych pochodzących z sekwencjonowania nowej generacji	BI_P7S_WG01	Projekt
<b>Umiejętności - Student potrafi:</b>			
U1	przeprowadzać zaawansowaną analizę sekwencji nukleotydów uzyskanych w wyniku wykorzystania technologii sekwencjonowania nowej generacji	BI_P7S_UW06	Zaliczenie pisemne, Zaliczenie ustne, Projekt

## Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane aktywności	
Wykład	15	
Ćwiczenia laboratoryjne	30	
Konsultacje	2	
Przygotowanie projektu	8	
Przygotowanie do egzaminu/zaliczenia	5	
<b>Łączny nakład pracy studenta</b>	<b>Liczba godzin</b> 60	<b>ECTS</b> 2.0
<b>Zajęcia z bezpośrednim udziałem nauczyciela</b>	<b>Liczba godzin</b> 47	<b>ECTS</b> 1.8
<b>Nakład pracy związany z zajęciami o charakterze praktycznym</b>	<b>Liczba godzin</b> 30	<b>ECTS</b> 1.0

\* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

## Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Formy prowadzenia zajęć
1.	1.Wykład wstępny 2.Przegląd literatury dotyczącej analizy danych NGS 3.Omówienie standardowych kroków oraz struktury plików w analizie danych NGS 4.Kontrola jakości danych i ich edycja 5.Przyrównanie do genomu referencyjnego 6.Detekcja polimorfizmów genetycznych: SNP oraz CNV 7.Adnotacje wariantów genetycznych: przeszukiwanie baz biologicznych 8.Filtrowanie polimorfizmów oraz wykorzystanie informacji o polimorfizmie (GWAS) 9.Statystyczne aspekty analizy danych NGS 10.Składanie genomów de novo 11.Analiza bioinformatyczna Single Cell RNA-seq 12.Analiza bioinformatyczna Single Cell RNA-seq 13.Epigenetyka i ATAC-seq 14.Badanie metagenomu mikrobiomu 15.Przegląd metod do analizy danych NGS	Wykład

Lp.	Treści programowe	Formy prowadzenia zajęć
2.	1.Ćwiczenia organizacyjne 2.Biologiczne bazy danych i wstęp do danych NGS 3.Środowisko pracy – system operacyjny Linux 4.Kontrola jakości danych i ich edycja 5.Przyrównanie do genomu referencyjnego 6.Ocena jakości przyrównania oraz przygotowanie plików do detekcji polimorfizmów 7.Detekcja polimorfizmów genetycznych 8.Adnotacja polimorfizmów genetycznych 9.Podsumowanie i interpretacja wyników 10.Kolokwium I 11.Imputacja brakujących genotypów I 12.Imputacja brakujących genotypów II 13.Analiza bioinformatyczna Single Cell RNA-seq I 14.Analiza bioinformatyczna Single Cell RNA-seq II 15.Kolokwium II	Ćwiczenia laboratoryjne

## Informacje rozszerzone

### Metody nauczania:

ćwiczenia, Wykład, dyskusja, Pracownia komputerowa, Metoda projektów

Aktywności	Metody zaliczenia	Udział procentowy w ocenie łącznej przedmiotu
Wykład	Zaliczenie pisemne, Zaliczenie ustne, Projekt	50%
Ćwiczenia laboratoryjne	Zaliczenie pisemne, Zaliczenie ustne, Projekt	50%

## Wymagania wstępne

bioinformatyka

## Literatura

### Obowiązkowa

1. Wang, X. Next-Generation Sequencing Data Analysis. CRC Press

## Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
BI_P7S_UW06	Absolwent potrafi przeprowadzać zaawansowaną analizę sekwencji nukleotydów, sekwencji aminokwasów, ekspresji genów i ścieżek sygnalizacyjnych
BI_P7S_WG01	Absolwent zna i rozumie w stopniu pogłębionym zagadnienia dotyczące badań biologicznych i metod analizy danych biologicznych