



Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Genomika i transkryptomika, PG_00070035						
Kierunek studiów	InfoBioChem						
Data rozpoczęcia studiów	luty 2027 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2026/2027		
Poziom kształcenia	II stopnia		Grupa zajęć		Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	1		Język wykładowy		polski		
Semestr studiów	1		Liczba punktów ECTS		3.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		egzamin		
Jednostka prowadząca	Wydziały Politechniki Gdańskiej -> Wydział Chemiczny -> Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		prof. dr hab. inż. Paweł Sachadyn				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	0.0	45.0	0.0	60
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów		Udział w konsultacjach		Praca własna studenta	RAZEM
	Liczba godzin pracy studenta	60		5.0		10.0	75
Cel przedmiotu	Celem przedmiotu jest przedstawienie nowoczesnych technologii badania genomu i transkryptomu, możliwości i ograniczeń genomiki i transkryptomiki oraz ich zastosowań w diagnostyce i badaniach naukowych.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[K7_K02] jest gotów do współdziałania w zespole, przyjmując w nim różne role w zależności od potrzeb zadania		Student jest świadomy potrzeby uzupełniania wiedzy z szybko rozwijającej się dziedziny genomiki i transkryptomiki oraz znaczenia ich roli w projektach interdyscyplinarnych.		[SK4] Ocena umiejętności komunikacji, w tym poprawności językowej [SK2] Ocena postępów pracy		
	[K7_W02] ma pogłębioną wiedzę z zakresu nauk omicznych, obejmującą zasady generowania, analizy i interpretacji danych omicznych		Student posiada wiedzę o budowie genomu i funkcjonowaniu epigenomu i transkryptomu, metodach i technologiach sekwencjonowania DNA nowej generacji, zastosowań badania genomu i transkryptomu w nauce i diagnostyce.		[SW1] Ocena wiedzy faktograficznej [SW2] Ocena wiedzy zawartej w prezentacji		
	[K7_K01] jest gotów do określania priorytetów działań w realizacji zadań własnych lub powierzonych przez innych		Student jest świadomy możliwości, ograniczeń badania genomów i transkryptomów oraz wyzwań etycznych wynikających z rozwoju genomiki i transkryptomiki.		[SK2] Ocena postępów pracy [SK5] Ocena umiejętności rozwiązywania problemów występujących w praktyce		
	[K7_U02] potrafi posługiwać się informatycznymi narzędziami służącymi do operacji na sekwencjach nukleotydowych i białkowych		Student umie dobrać metody do analiz genomicznych i transkryptomicznych oraz krytycznie interpretować wyniki.		[SU2] Ocena umiejętności analizy informacji [SU5] Ocena umiejętności zaprezentowania wyników realizacji zadania [SU3] Ocena umiejętności wykorzystania wiedzy uzyskanej w ramach przedmiotu		

Treści przedmiotu	Treści przedmiotu - wykład		
	<p>Celem wykładu Genomika i transkryptomika jest przekazanie stanu wiedzy na temat genomu i transkryptomu, możliwości zastosowań genomiki i transkryptomiki w diagnostyce i w badaniach, perspektyw i ewentualnych zagrożeń wynikających z rozwoju i upowszechniania technologii badania genomów i transkryptomów. Poszczególne aspekty będą omawiane z uwzględnieniem przedmiotu badań, rozwiązań technologicznych i przykładowych zastosowań w badaniach i diagnostyce.</p> <p>1-2. Genom, epigenom i transkryptom człowieka oraz inne genomy modelowe - podstawowe informacje. 2 h</p> <p>3. Technologie badania genomu i transkryptomu macierze hybrydyzacyjne, sekwencjonowanie shot-gun, nanopore. 1 h</p> <p>4-5. Badanie genomu epigenomika : metylacja DNA (MethylSeq) i inne modyfikacje kowalencyjne DNA. 2 h</p> <p>6-7. Badanie genomu epigenomika: remodeling chromatyny ATAC-Seq i inne. 2 h</p> <p>8-10. Polimorfizm DNA SNP i inne w chorobach dziedzicznych i nowotworach. Sekwencjonowanie genomów i egzomów indywidualnych. 3 h</p> <p>11-12. Badanie transkryptomu, RNAseq i inne. 2 h</p> <p>13. Badania na poziomie pojedynczych komórek (ang. single-cell). 1h</p> <p>14. Transkryptomika przestrzenna (ang. spatial transcriptomics). 1 h</p> <p>15.Podsumowanie genomika i transkryptomika: znaczenie, perspektywy i zagrożenia. 1 h</p>		
Treści przedmiotu - projekt	<p>Celem projektu jest praktyczne zapoznanie studentów z możliwościami genomiki i transkryptomiki w badaniach i diagnostyce w zakresie zastosowań, rozwiązań technologicznych i analizy danych poprzez samodzielną analizę publikacji i zbiorów danych przy użyciu zmodyfikowanych kryteriów, innego celu analizy, alternatywnej strategii lub innych narzędzi bioinformatycznych. Realizacja projektu pozwoli na praktyczny kontakt z genomiką, jej zastosowaniami, sposobem analizy danych i rozwój własnej inwencji. Zajęcia obejmą dwie części: wprowadzenie przeprowadzone przez wykładowcę i prezentację przez studentów odpowiadające trzem kolejnym etapom projektu, połączone z krytyczną dyskusją.</p> <p>WPROWADZENIE 3 h zajęć</p> <p>Objaśnienie zadań, kryteriów oceny, wskazówki dotyczące genomicznych i transkryptomicznych baz danych, doboru i krytycznej oceny artykułów naukowych.</p> <p>ZADANIA DO WYKONANIA PRZEZ STUDENTÓW 42 h zajęć</p> <p>A.Wybór artykułu naukowego z dziedziny genomiki lub/i transkryptomiki i zbioru danych (stanowiącego suplement do tego artykułu) w celu przygotowania jego prezentacji i wykonania własnej analizy danych genomicznych/transkryptomicznych (np. w oparciu o inne założenia lub z użyciem innych narzędzi niż w artykule źródłowym). Tylko praca własna</p> <p>B. Przygotowanie i przedstawienie na zajęciach krótkiej roboczej prezentacji wybranego artykułu i zbioru danych w celu przeprowadzenia w trakcie zajęć dyskusji wybranych propozycji, ewentualnej korekty i modyfikacji propozycji (Prezentacja 1, 10-15 min). Ok. 3 h zajęć</p> <p>C. Przygotowanie i przedstawienie na zajęciach prezentacji wybranych publikacji i zbiorów danych z uwzględnieniem celów, metod, wyników i wniosków oraz propozycją własnej strategii analizy (Prezentacja 2, 30-45 min). Ok. 15 h zajęć</p> <p>D. Przygotowanie i prezentacja metodyki i wyników własnych analiz ze wskazaniem elementów nowości. (Prezentacja 3, ok. 60-90 min). Ok. 24 h zajęć</p>		
	Wymagania wstępne i dodatkowe		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Egzamin z wykładu w formie testu wyboru	60.0%	50.0%
	Ocena prezentacji studentów	60.0%	50.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	Slajdy z wykładu	
	Uzupełniająca lista lektur	Publikacje omawiane podczas wykładu	
	Adresy eZasobów		

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<p>Wykład: Badanie transkryptomu; RNAseq i inne.</p> <p>Metody badania transkryptomu przed erą NGS.</p> <ul style="list-style-type: none"> • RT-qPCR, mikromacierze DNA, Northern blot • Ograniczenia tych metod <p>Technologia RNAseq</p> <ul style="list-style-type: none"> • Przygotowanie biblioteki RNA • Sekwencjonowanie (platformy NGS) • Mapowanie odczytów i analiza bioinformatyczna • Illumina vs. Aviti <p>Analiza danych RNAseq</p> <ul style="list-style-type: none"> • Dane surowe NGS • Etapy przetwarzania danych NGS • Identyfikacja genów o różnej ekspresji (DEG, differentially epxresed genes) • Analiza ontologiczna <p>Inne warianty badania RNA</p> <ul style="list-style-type: none"> • Small RNAseq • miRNA profiling • Long-read sequencing (np. Pacific Biosciences, Oxford Nanopore Technologies) <p>Zastosowania RNAseq w badaniach naukowych</p> <ul style="list-style-type: none"> • Możliwości • Ograniczenia • Źródła błędów <p>Zastosowania analiz transkryptomu w medycynie</p> <ul style="list-style-type: none"> • Medycyna spersonalizowana • Biomarkery chorób • Transkryptomika w badaniach klinicznych • Integracja z proteomiką i epigenomiką <p>Zagadnienia na egzamin</p> <ul style="list-style-type: none"> • Zalety i wady mikromacierzy w porównaniu z technologią RNAseq • Główne etapy analizy RNAseq? • Na czym polega i do czego służy analiza ontologiczna? • Specyfika i zastosowania sekwencjonowania small-RNA • Korzyści z zastosowania RNAseq w medycynie spersonalizowanej • Jakie są możliwości i ograniczenia RNAseq w badaniach naukowych?
Zajęcia praktyczne w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.