**Nazwa przedmiotu:**

Wielkoskalowe metody pomiarowe w biologii molekularnej

**Koordynator przedmiotu:**

Tymon Edwin Rubel

**Status przedmiotu:**

Fakultatywny ograniczonego wyboru

**Poziom kształcenia:**

Studia II stopnia

**Program:**

Inżynieria Biomedyczna

**Grupa przedmiotów:**

Przedmioty techniczne - zaawansowane

**Kod przedmiotu:**

MPB

**Semestr nominalny:**

2 / rok ak. 2019/2020

**Liczba punktów ECTS:**

4

**Liczba godzin pracy studenta związanych z osiągnięciem efektów uczenia się:**

Wykład - 30 godzin;
Przygotowanie do egzaminu - 30 godzin;
Pozyskanie literatury i danych niezbędnych do realizacji projektu - 10 godzin;
Realizacja zadania projektowego - 15 godzin;
Przygotowanie sprawozdania z zadania projektowego - 5 godzin;
Konsultacje z zakresu wykładów i projektu - 10 godzin
Razem 100 godz. 4 ECTS

**Liczba punktów ECTS na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich:**

Wykład - 30 godzin;
Konsultacje z zakresu wykładów i projektu - 10 godzin
Razem 40 godz - 2 ECTS

**Język prowadzenia zajęć:**

polski

**Liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje w ramach zajęć o charakterze praktycznym:**

Pozyskanie literatury i danych niezbędnych do realizacji projektu, realizacja zadania projektowego i przygotowanie sprawozdania:
1 punkt ECTS

**Formy zajęć i ich wymiar w semestrze:**

|  |  |
| --- | --- |
| Wykład: | 30h |
| Ćwiczenia: | 0h |
| Laboratorium: | 0h |
| Projekt: | 15h |
| Lekcje komputerowe: | 0h |

**Wymagania wstępne:**

Podstawowa wiedza z zakresu analizy statystycznej danych pomiarowych.
Podstawowa umiejętność programowania lub użytkowania środowisk matematyczno-programistycznych (np. R lub Octave/Matlab).

**Limit liczby studentów:**

30

**Cel przedmiotu:**

Celem przedmiotu jest zapoznanie studentów z technikami pomiarowymi stosowanymi we współczesnej biologii molekularnej. Wykład jest skupiony przede wszystkim na omówieniu nowoczesnych metod, takich jak mikromacierze, spektrometria mas i szybkie sekwencjonowanie DNA, które pozwalają uzyskać informacje o wielu tysiącach genów lub białek jednocześnie. Istotnym elementem wykładu jest przedstawienie zagadnień związanych z przetwarzaniem wstępnym, analizą statystyczną i klasyfikacją danych pomiarowych oraz wnioskowaniem na ich podstawie o właściwościach i funkcji badanych biomolekuł. Tematyka przedmiotu związana jest z dziedziną wiedzy mającą obecnie coraz większe znaczenie nie tylko dla badań biologicznych, ale także np. dla rozwoju diagnostyki medycznej. Co jednak równie istotne, nabyta w ramach wykładu i zajęć projektowych praktyczne umiejętności w zakresie analizy wielowymiarowych danych pomiarowych może być z powodzeniem wykorzystana w szeregu innych zastosowań, niekoniecznie związanych z biologią molekularną.

**Treści kształcenia:**

1. Podstawowe pojęcia z zakresu biologii molekularnej. Budowa i właściwości biomolekuł (DNA, RNA i białek). Pojęcia genomu, transkryptomu i proteomu.
2. Badania wielkoskalowe w biologii molekularnej. Zdefiniowanie zakresów badań genomiki, transkryptomiki, proteomiki oraz przedstawienie ich roli w badaniach podstawowych, biotechnologii i diagnostyce medycznej.
3. Wielkoskalowe techniki pomiarowe w badaniach transkryptomicznych. Techniki SAGE i RT-PCR. Budowa, rodzaje i zastosowania mikromacierzy cDNA oraz
4. oligonukleotydowych mikromacierzy wysokiej rozdzielczości. RNA-seq: użycie nowoczesnych metod sekwencjonowania DNA w transkryptomice.
5. Analiza statystyczna danych o dużej wymiarowości na przykładzie mikromacierzy. Omówienie podstaw statystycznego opisu danych pomiarowych. Cele analizy statystycznej danych biologicznych.
6. Selekcja cech różnicujących próbki biologiczne. Parametryczne i nieparametryczne testy statystyczne. Metody korekcji wyników pod kątem jednoczesnego testowania wielu hipotez.
7. Metody wyznaczania grup genów o charakterystycznych wzorcach ekspresji. Zastosowanie rozkładu macierzy na wartości szczególne oraz analizy skupień do selekcji genów.
8. Klasyfikacja danych biologicznych. Prezentacja podstawowych rodzajów klasyfikatorów statystycznych oraz klasyfikatorów wykorzystujących metody uczenia maszynowego.
9. Spektrometria mas jako podstawowe narzędzie analityczne proteomiki. Budowa i zasada pomiaru w spektrometrze mas. Widmo mas. Główne rodzaje spektrometrów wykorzystywanych w badaniach biologicznych.
10. Analiza danych spektrometrycznych o charakterze jakościowym. Metody identyfikacji białek na podstawie danych ze spektrometrii mas: systemy bazodanowe, sekwencjonowanie de novo, metody z częściową interpretacją widma.
11. Analiza danych spektrometrycznych o charakterze ilościowym.
12. Analiza funkcjonalna zbiorów genów i białek. Wykorzystanie baz danych informacji biologicznych w procesie interpretacji wyników eksperymentów korzystających z wielkoskalowych technik pomiarowych.

**Metody oceny:**

Przedmiot zaliczany jest na podstawie punktów uzyskanych z egzaminu (0-60 punktów) i zadania projektowego (0-40 punktów).

**Egzamin:**

tak

**Literatura:**

1. T. A. Brown: Genomy (PWN, 2009).
2. D. P. Berrar, W. Dubitzky, M. Granzow: A Practical Approach to Microarray Data Analysis (Kluwer, 2003).
3. M. Krzyśko, W. Wołyński,T. Górecki , M.Skorzybut: Systemy uczące się. Rozpoznawanie wzorców analiza skupień i redukcja wymiarowości (PWN, 2008).
4. E. de Hoffmann, J. J. Charette, V. Stroobant: Spektrometria Mas (WNT, 1998).
5. R. Matthiesen: Mass Spectrometry Data Analysis in Proteomics (Humana Press, 2006).

**Witryna www przedmiotu:**

http://www.ire.pw.edu.pl/~trubel/dydaktyka/mpb/index.html

**Uwagi:**

## Charakterystyki przedmiotowe

### Profil ogólnoakademicki - wiedza

**Charakterystyka W01:**

Wiedza na temat dziedzin współczesnej biologii molekularnej: genomiki, transkryptomiki i proteomiki

Weryfikacja:

egzamin

**Powiązane charakterystyki kierunkowe:** K\_W08

**Powiązane charakterystyki obszarowe:**

**Charakterystyka W02:**

Znajomość metod pomiarowych wykorzystywanych w genomice, transkryptomice i proteomice

Weryfikacja:

egzamin

**Powiązane charakterystyki kierunkowe:** K\_W11

**Powiązane charakterystyki obszarowe:**

**Charakterystyka W03:**

Wiedza o metodach przetwarzania wstępnego i wielowymiarowej analizy statystycznej danych z ekperymentów biologicznych

Weryfikacja:

egzamin

**Powiązane charakterystyki kierunkowe:** K\_W01

**Powiązane charakterystyki obszarowe:**

### Profil ogólnoakademicki - umiejętności

**Charakterystyka U02:**

Porównywanie efektywności metod analizy danych z eksperymentów biologicznych

Weryfikacja:

zadanie projektowe

**Powiązane charakterystyki kierunkowe:** K\_U09, K\_U11, K\_U18

**Powiązane charakterystyki obszarowe:**

**Charakterystyka U03:**

Umiejętność pozyskiwania biologicznych danych ekperymentalnych z ogólnodostępnych repozytoriów

Weryfikacja:

zadanie projektowe

**Powiązane charakterystyki kierunkowe:** K\_U01

**Powiązane charakterystyki obszarowe:**

**Charakterystyka zadanie projektowe:**

Umiejętność implementacji istniejących bądź opracowywania własnych algorytmów przetwarzania i analizy danych

Weryfikacja:

U01

**Powiązane charakterystyki kierunkowe:** K\_U01, K\_U16, K\_U19

**Powiązane charakterystyki obszarowe:**

### Profil ogólnoakademicki - kompetencje społeczne

**Charakterystyka K01:**

Zrozumienie wpływu wielkoskalowych badań z zakresu biologii molekularnej na społeczne i zdrowotne aspekty życia

Weryfikacja:

-

**Powiązane charakterystyki kierunkowe:** K\_K07

**Powiązane charakterystyki obszarowe:**