



KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY



Nazwa przedmiotu		Kod ECTS	
Analiza danych transkryptomycznych i metabolomicznych		13.3.1393	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Analizy Środowiska			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	wszystkie
Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki	Bioinformatyka	forma	wszystkie
		moduł	wszystkie
		specjalnościowy	wszystkie
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
dr hab. Łukasz Haliński; dr inż. Karolina Jagiełło			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		3	
Ćw. laboratoryjne			
Sposób realizacji zajęć			
zajęcia w sali dydaktycznej			
Liczba godzin			
Ćw. laboratoryjne: 30 godz.			
Termin realizacji przedmiotu			
2025/2026 letni			
Status przedmiotu		Język wykładowy	
fakultatywny (do wyboru)		polski	
Metody dydaktyczne		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne	
Ćwiczenia laboratoryjne		Sposób zaliczenia	
		Zaliczenie na ocenę	
		Formy zaliczenia	
		wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja	
		Podstawowe kryteria oceny	
		<ol style="list-style-type: none"> 1. Kryterium niezbędnym do zaliczenia przedmiotu jest aktywne uczestnictwo w prowadzonych zajęciach. Podczas zajęć, treść programowa zostanie przekazana w formie wykładu. Ponadto student samodzielnie wykona szereg zadań powierzonych mu przez prowadzącego zajęcia. 2. Podstawą zaliczenia przedmiotu jest samodzielne wykonanie zadań powierzonych przez prowadzącego i zaprezentowanie wyników z dyskusją w postaci pracy zaliczeniowej (projektu lub prezentacji). 3. Podczas oceny projektu brane będą pod uwagę następujące kryteria: poprawność merytoryczna, innowacyjność w rozwiązywaniu zaproponowanych problemów, skuteczność w rozwiązywaniu problemów, samodzielność pracy, estetyka wykonania projektu 	
Sposób weryfikacji założonych efektów uczenia się			

zakładany efekt uczenia się	konwersatorium	kolokwium	sprawozdanie	egzamin pisemny	egzamin ustny
	Wiedza				
KW_04	x		x		
	Umiejętności				
KU_03			x		
	Kompetencje				

Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi

A. Wymagania formalne

1. Genomika
2. Biologia komórki i metabolizm
3. Analiza statystyczna i rachunek prawdopodobieństwa dla bioinformatyków
4. Techniki eksploracji danych wielowymiarowych

B. Wymagania wstępne

1. posiadanie wiedzy podstawowej z zakresu technik eksploracji danych wielowymiarowych

Cele kształcenia

1. Zapoznanie studentów z zagadnieniami związanymi z analizą danych transkryptomycznych
2. Zapoznanie studentów z zagadnieniami związanymi z analizą danych metabolomicznych

Treści programowe

1. Dostępne bazy danych transkryptomycznych i metabolomicznych
2. Preprocesing danych „omicznych”
3. Zmiany w ekspresji genów a ścieżki transkryptomiczne
4. Narzędzia do wyznaczania dawek prowadzących do perturbacji w ścieżkach transkryptomicznych
5. Adverse Outcome Pathways (AOP)
6. Procedury analityczne stosowane w metabolomice i transkryptomice
7. Interpretacja danych analitycznych: dane surowe i przetworzone
8. Zastosowanie technik chromatograficznych i spektrometrii mas w metabolomice
9. Ograniczenia podejścia metabolomicznego na przykładzie lipidomiki
10. Wiarygodność wyników analitycznych i jej wpływ na jakość danych metabolomicznych

Wykaz literatury

- A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):
- A.1. wykorzystywana podczas zajęć: Bieżące publikacje naukowe oraz opracowania i artykuły przeglądowe.
- A.2. studiowana samodzielnie przez studenta: Bieżące publikacje naukowe oraz opracowania i artykuły przeglądowe.
- B. Literatura uzupełniająca
1. J. Mazerski, „Podstawy chemometrii”, Wydawnictwo Politechniki Gdańskiej, Gdańsk, 2000
 2. S.P. Putri, E. Fukusaki (Eds) "Mass Spectrometry-Based Metabolomics: A Practical Guide", CRC Press, Taylor & Francis, Boca Raton, 2014
 3. N. Lutz, J. Sweedler, R. Wevers "Methodologies for Metabolomics : Experimental Strategies and Techniques", Cambridge University Press, Nowy Jork, 2012

Kierunkowe efekty uczenia się

KW_04: Ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce
 KU_03: Stosuje podstawowe metody matematyczne i statystyczne do opisu zjawisk i analizy danych; posiada umiejętność podstawowej analizy danych w profesjonalnych bazach danych wykorzystywanych w bioinformatyce

Wiedza

Po ukończeniu kursu każdy student:

1. wie jakie są podstawowe, dostępne bazy danych omicznych
2. wie na czym polega preprocesing danych omicznych
3. zna podstawowe komputerowe metody określania dawek prowadzących do perturbacji w ścieżkach transkryptomicznych
4. wie, jakie procedury są stosowane do pozyskiwania danych omicznych
5. zna wpływ poszczególnych etapów procedur na jakość i wiarygodność uzyskanych danych
6. zna podstawowe zasady prowadzenia analiz

Umiejętności

Po ukończeniu kursu każdy student:

1. potrafi samodzielnie przeprowadzić preprocesing danych omicznych
2. potrafi samodzielnie wskazać podstawowe komputerowe metody określania dawek prowadzących do perturbacji w ścieżkach transkryptomocnych
3. potrafi interpretować wyniki analityczne oraz oceniać ich wiarygodność
4. potrafi krytycznie porównać dostępne dane metabolomiczne

Kompetencje społeczne (postawy)

Po ukończeniu kursu każdy student:

1. dostrzega korzyści z wykorzystania metod komputerowych w kontekście społecznym (poprawa jakości życia społeczeństwa), etycznym (zmniejszenie liczby badań przeprowadzanych na zwierzętach) i ekonomicznym (ograniczenie kosztów badań);
2. rozumie potrzebę dalszego kształcenia się;
3. wykazuje kreatywność w pracy grupie;
4. wykazuje odpowiedzialność za wykonywaną pracę.

Kontakt

lukasz.halinski@ug.edu.pl