|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć:  | **Genomika strukturalna i funkcjonalna** | **ECTS** | **3,0** |
| Nazwa zajęć w j. angielskim: | Structural and functional genomics |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | Biotechnologia |
|  |  |
| Język wykładowy: | polski | Poziom studiów: | II |
| Forma studiów:  | [x]  stacjonarne[ ]  niestacjonarne | Status zajęć: | [ ]  podstawowe[x]  kierunkowe | [x]  obowiązkowe [ ]  do wyboru | Numer semestru: …I…….. | [ ]  semestr zimowy[x]  semestr letni  |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik): | 2020/2021 | Numer katalogowy: | **OGR\_BT-2S-1L-06** |
|  |
| Koordynator zajęć: | Prof. dr hab., Grzegorz Bartoszewski, Dr inż. Magdalena Pawełkowicz |
| Prowadzący zajęcia: | Prof. dr hab., Grzegorz Bartoszewski, Dr inż. Magdalena Pawełkowicz, pracownicy i doktoranci KGHiBR |
| Jednostka realizująca: | Instytut Biologii, Katedra Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin |
| Jednostka zlecająca: | Wydział Ogrodnictwa i Biotechnologii |
| Założenia, cele i opis zajęć: | Genomika jest szybko rozwijającą się nauką, która zajmuje się analizą genomów organizmów. Wyróżnia się dwa podstawowe działy genomiki - genomikę strukturalną i genomikę funkcjonalną. Genomika strukturalna zajmuje się przede wszystkim badaniem struktury i ewolucji genomów zaś genomika funkcjonalna poznawaniem ich funkcji, a jej głównymi działami są transkryptomika, proteomika i metabolomika. Innym szybko rozwijającym się działem genomiki jest metagenomika. Przedmiot obejmuje część wykładową i ćwiczeniową. W ramach wykładów przedstawiane są główne działy, metody i koncepcje genomiki zarówno strukturalnej jak i funkcjonalnej. Część ćwiczeniowa poświęcona jest wybranym metodom analizy genomów.Tematyka wykładów: (1) Definicja, historia i głównie działy genomiki strukturalnej i funkcjonalnej. (2) Metagenomika. (3) Wielkość genomów, cytogenomika i mapowanie fizyczne genomów. (4) Wysokoprzepustowe technologie mapowania genetycznego. Mapowanie asocjacyjne. (5) Architektura genomów i ich złożoność - wybrane przykłady. (6) Strategie sekwencjonowania genomów. Biblioteki długich fragmentów DNA. Składanie i adnotacja genomów.(7) Technologie sekwencjonowania i resekwencjonowania genomów: Sanger, 454, Illumina, SOLiD, Ion Torrent, PacBio, Oxford Nanopore i inne. (8) Analiza transkryptomów: mikromacierze, RNA-seq, Chip-seq i miRNA-seq. (9) Proteomika i jej główne działy. Metody badawcze proteomiki: elektroforeza 2D i spektrometria mas, mikromacierze białkowe. (10) Badanie interakcji białkowych in vitro i in vivo. Prezentacja fagowa, drożdżowe systemy hybrydowe (Y2H i inne), chromatografia powinowactwa, FRET i BiFC. Sieci interakcji białkowych. (11) Złożoność metabolomu i podstawowe metody wykorzystywane w metabolomice. (12) Wprowadzenie do biologii systemów. Tematyka ćwiczeń: (1) Szkolenie z obsługi MOODLE, Izolacja HMW DNA wykorzystanie do sekwencjonowania i tworzenia bibliotek BAC, przegląd wektorów do konstrukcji bibliotek BAC, elektroforeza pulsacyjna PFGE (2) Składanie genomów i adnotacja strukturalna: assembling genomu, maskowanie sekwencji powtarzalnych, identyfikacja elementów regulatorowych, ewaluacja i konsolidacja predykcji. (3) Adnotacja funkcjonalna i klasyfikacja ontologiczna genów. Przyczyny błędów w adnotacji funkcjonalnej. (4) Analiza strukturalna i funkcjonalna białek. (5) Analiza danych RNA-seq i identyfikacja genów ulegających zmienionej ekspresji (program CLC Genomics Workbench). |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | 1. Wykłady ……………………………………………………………………; liczba godzin ...20....;
2. Ćwiczenia laboratoryjne.…………………………………………; liczba godzin ...20....;
 |
| Metody dydaktyczne: | Wykłady z wykorzystaniem prezentacji multimedialnych, demonstracje laboratoryjne, ćwiczenia w pracowni bioinformatycznej, wykorzystanie systemu e-learnigowego, możliwość wykorzytsania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych |
| Wymagania formalne i założenia wstępne: | Wymagania formalne: Genetyka, inżynieria genetyczna, biologia molekularna, podstawy bioinformatyki, założenia wstępne: Student powinien znać podstawy genetyki, biologii molekularnej, inżynierii genetycznej oraz bioinformatyki |
| Efekty uczenia się: | Wiedza:W1 student definiuje podstawowe pojęcia z zakresu genomiki oraz charakteryzuje główne działy genomikiW2 student charakteryzuje narzędzia i metody wykorzystywane w genomiceW3 student zna problematykę pracy z długimi fragmentami DNA | Umiejętności:U1 student dobiera metody bioinformatyczne na potrzeby analiz genomicznychU2 student opracowuje wyniki analizy genomicznej | Kompetencje:K1 student jest gotowy aby wykonać prostą analizę strukturalną i funkcjonalną genomu |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | Efekt W1-3 - egzamin pisemny; Efekt W3, U1, U2 – kolokwium pisemne.Efekt U1, U2, K1 - projekt dotyczący wykonania adnotacji strukturalnej i funkcjonalnej na danych genomowych.Efekt W1-3, U1-2, K1 – zaliczenie lekcji e-learnig i zadań na platformie MOODLEmożliwość wykorzytsania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych |
| Forma dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się: | Treść pytań z egzaminu pisemnego, treści kolokwium, treść opracowania analizy bioinformatycznej danych genomicznych, zaliczenia lekcji e-learnigowych i zadań na platformie MOODLE |
| Elementy i wagi mające wpływna ocenę końcową: | Do weryfikacji efektów kształcenia służą: 1. Ocena z egzaminu pisemnego.
2. Ocena z kolokwium.
3. Ocena opracowania analizy bioinformatycznej genomu.
4. Ocena z zaliczenia zadań i lekcji e-learningowych

Dla każdego z tych elementów określana jest maksymalna liczba punktów do uzyskania. Student, który uzyskał z każdego elementu (1, 2, 3 i 4) przynajmniej 50% punktów zalicza przedmiot. Wystawiane są oceny z części ćwiczeniowej i z części wykładowej w zależności od uzyskanych punktów (skala poniżej). Ocena końcowa jest średnią ocen z części ćwiczeniowej i wykładowej. Skala stosowana podczas wystawiania ocen: 51-60% pkt ocena 3.0, 61-70% pkt ocena 3.5, 71-80% pkt ocena 4.0, 81-90% pkt ocena 4.5, 91-100% pkt ocena 5.0. |
| Miejsce realizacji zajęć: | Sala wykładowa, laboratorium biologii molekularnej i genomiki, pracownia bioinformatyczna, platforma MOODLE |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca23): 1. Brown TA, Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN; wydanie II, 2009.
2. Lesk A. Introduction to Genomics. Wydawnictwo Oxford University Press, 2007.
3. Campbell A.M., Heyer L.J. Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics. Wydawnictwo Benjamin Cummings; wydanie II, 2006.
4. Briat J.F. Functional Plant Genomics. Wydawnictwo: Science Publishers, 2007.
5. Polecane na bieżąco przez prowadzącego artykuły z pism naukowych krajowych i zagranicznych.
 |
| UWAGI |

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot:

|  |  |
| --- | --- |
| Szacunkowa sumaryczna liczba godzin pracy studenta (kontaktowych i pracy własnej) niezbędna dla osiągnięcia zakładanych dla zajęć efektów uczenia się - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS: | **77 h** |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | **2,0 ECTS** |

Tabela zgodności kierunkowych efektów uczenia się z efektami przedmiotu:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| kategoria efektu | Efekty uczenia się dla zajęć: | Odniesienie do efektów dla programu studiów dla kierunku | Oddziaływanie zajęć na efekt kierunkowy\*) |
| Wiedza -  | 1. student definiuje podstawowe pojęcia z zakresu genomiki oraz charakteryzuje główne działy genomiki
2. student charakteryzuje narzędzia i metody wykorzystywane w genomice
3. student zna problematykę pracy z długimi fragmentami DNA
 | K\_W02K\_W03 K\_W06K\_W07K\_W12  | 21311 |
| Umiejętności -  | 1. student dobiera metody bioinformatyczne na potrzeby analiz genomicznych
2. student opracowuje wyniki analizy genomicznej
 | K\_U01 K\_U02 K\_U03K\_U04K\_U20 K\_U21 | 322231 |
| Kompetencje -  | 1. student jest gotowy aby wykonać prostą analizę strukturalną i funkcjonalną genomu
 | K\_K02 | 2 |

\*)

3 – zaawansowany i szczegółowy,

2 – znaczący,

1 – podstawowy,