|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć: | | **Diagnostyka molekularna** | | | | | | | | **ECTS** | **2** |
| Tłumaczenie nazwy na j. angielski: | | Molecular diagnostics | | | | | | | | | |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | | Ochrona zdrowia roślin | | | | | | | | | |
|  | |  | | | | | | | | | |
| Język wykładowy: | | polski | | | | Poziom studiów: | | | I | | |
| Forma studiów: | ⌧ stacjonarne  🞎 niestacjonarne | Status zajęć: | 🞎 podstawowe  ⌧ kierunkowe | 🞎 obowiązkowe  🞎 do wyboru | | Numer semestru: 5 | | | x semestr zimowy 🞎 semestr letni | | |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik): | | | | **2019/2020** | Numer katalogowy: | | **OGR-OR1-S-5Z50.3** | | |
|  | | | | | | | | | | | |
| Koordynator zajęć: | | Prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska | | | | | | | | | |
| Prowadzący zajęcia: | | Pracownicy Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin | | | | | | | | | |
| Jednostka realizująca: | | Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu; Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin | | | | | | | | | |
| Jednostka zlecająca: | | Wydział Ogrodnictwa, Biotechnologii i Architektury Krajobrazu | | | | | | | | | |
| Założenia, cele i opis zajęć: | | Założenia i cel: zapoznanie studenta z molekularnymi metodami stosowanymi w diagnostyce molekularnej roślin oraz przedstawienie stanu badań nad nowymi technikami i perspektyw ich wprowadzenia do praktyki ogrodniczej; przygotowanie absolwenta do samodzielnej pracy w zakresie szeroko rozumianej diagnostyki molekularnej roślin  Tematyka wykładów: Diagnostyka molekularna – definicje i terminologia; Metody molekularne wykorzystywane w diagnostyce molekularnej roślin; Diagnozowanie stanu zdrowotnego roślin; Wybrane aspekty genetycznego pdłoża odporności roślin, Diagnostyka filogenetyczna; Mapy genetyczne i asocjacyjne; Wykrywanie obecności transgenu  Tematyka seminariów: wybrane metody i narzędzia diagnostyki molekularnej  Tematyka ćwiczeń: Ocena efektywności markerów molekularnych, Analiza podobieństwa genetycznego na podstawie genotypowania SSR i DArT, Konstrukcja map genetycznych markerów molekularnych, Identyfikacja QTLi odporności na wybrane choroby (symulacja). | | | | | | | | | |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | | Wykłady liczba godzin 10  Ćwiczenia liczba godzin 20 | | | | | | | | | |
| Metody dydaktyczne: | | Wykład, dyskusja, prezentacje studentów, eksperyment, analiza elektroforegramów, komputerowa analiza bioinformatyczna, konsultacje | | | | | | | | | |
| Wymagania formalne  i założenia wstępne: | | Przedmioty wprowadzające: Genetyka, Biologia molekularna  Założenia wstępne: Przed rozpoczęciem przedmiotu student powinien posiadać wiedzę i podstawowe umiejętności z zakresu genetyki ogólnej i molekularnej i podstaw inżynierii genetycznej, w szczególności – zasad mapowania genetycznego, najważniejszych technik molekularnych i podstawowych narzędzi bioinformatycznych. | | | | | | | | | |
| Efekty uczenia się: | | Wiedza:  Absolwent zna i rozumie:  W\_01 – *status quo* diagnostyki molekularnej roślin w Polsce i na świecie  W\_02 – metody i procedury stosowane w diagnostyce molekularnej roślin | | | Umiejętności:  Absolwent potrafi:  U\_01 - zastosować i właściwie ocenić skuteczność metod diagnostycznych  U\_02 – posługiwania się programami komputerowymi przeznaczonymi do analizy podobieństwa genetycznego i konstrukcji map genetycznych  U\_03 – pracować samodzielnie i w zespole w pracowni bioinformatycznej  U\_04 – efektywnie korzystać z bibliotecznych i internetowych baz danych  U\_05 – przygotować i przedstawić prezentację na temat wybranych metod diagnostyki molekularnej  U\_06 - posługiwać się językiem obcym w stopniu pozwalającym na korzystanie z literatury fachowej | | | Kompetencje:  Absolwent jest gotów do:  K\_01 – stosowania metod molekularnych w diagnostyce chorób roślin oraz innych obszarach diagnostyki molekularnej  K\_02 - prawidłowego identyfikowania i rozstrzygania dylematów związanych ze stosowaniem diagnostycznych metod molekularnych | | | |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | | Efekty: W\_01, W\_02, U\_03, U\_04, U\_06 – egzamin pisemny  Efekty: U\_01, U\_02, U\_03, U\_04, U\_06, K\_01, K\_02 – kolokwium ćwiczeniowe  Efekty: U\_05, U\_06, K\_01, K\_02 - seminarium | | | | | | | | | |
| Forma dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się: | | Imienna karta ocen studenta oraz, treść zagadnień/pytań i udzielone przez studenta odpowiedzi w ramach kolokwium ćwiczeniowego i egzaminu pisemnego, prezentacja utrwalona na nośniku elektronicznym | | | | | | | | | |
| Elementy i wagi mające wpływ  na ocenę końcową: | | 1. ocena z egzaminu pisemnego, 2. ocena z ćwiczeń, na którą składa się ocena z testu teoretycznego oraz ocena z zaliczenia praktycznego – konstrukcja drzewa filogenetycznego i mapy genetycznej (ocena końcowa z ćwiczeń jest wystawiana na podstawie łącznej liczby punktów z obu części), 3. ocena z prezentacji. Waga elementów oceny końcowej: 1 - 45%, 2 - 45%, 3 – 10%. Warunkiem zaliczenia przedmiotu jest otrzymanie z każdego elementu minimum 50% punktów | | | | | | | | | |
| Miejsce realizacji zajęć: | | Sala wykładowa; pracownia bioinformatyczna | | | | | | | | | |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca: (1) Biotechnologia roślin, red. S.Malepszy, wyd. PWN 2009; (2) Artykuły naukowe i strony internetowe wskazane przez prowadzącego | | | | | | | | | | | |
| UWAGI Liczebność grupy nie większa niż 15 osób | | | | | | | | | | | |

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: | **40 h** |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | **1,5 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 - W\_01 | Absolwent zna i rozumie status quo diagnostyki molekularnej roślin w Polsce i na świecie | K\_W01 | 3 |
| Wiedza - W\_02 | Absolwent zna i rozumie metody i procedury stosowane w diagnostyce molekularnej roślin | K\_W04; K\_W11 | 3; 3 |
| Umiejętności - U\_01 | Absolwent potrafi zastosować i właściwie ocenić skuteczność metod diagnostycznych | K\_U02; K\_U03; K\_U05 | 3; 3; 3 |
| Umiejętności - U\_02 | Absolwent potrafi posługiwania się programami komputerowymi przeznaczonymi do analizy podobieństwa genetycznego i konstrukcji map genetycznych | K\_U10 | 2 |
| Umiejętności - U\_03 | Absolwent potrafi pracować samodzielnie i w zespole w pracowni bioinformatycznej | K\_U14 | 2 |
| Umiejętności - U\_04 | Absolwent potrafi efektywnie korzystać z bibliotecznych i internetowych baz danych | K\_U10; K\_U11; | 2; 2 |
| Umiejętności - U\_05 | Absolwent potrafi przygotować i przedstawić prezentację na temat wybranych metod diagnostyki molekularnej | K\_U13 | 2 |
| Umiejętności - U\_06 | Absolwent potrafi posługiwać się językiem obcym w stopniu pozwalającym na korzystanie z literatury fachowej | K\_U11 | 2 |
| Kompetencje - K\_01 | Absolwent jest gotów do stosowania metod molekularnych w diagnostyce chorób roślin oraz innych obszarach diagnostyki molekularnej | K\_K01 | 3 |
| Kompetencje - K\_02 | Absolwent jest gotów do prawidłowego identyfikowania i rozstrzygania dylematów związanych ze stosowaniem diagnostycznych metod molekularnych | K\_K05 | 2 |

\*)

3 – znaczący i szczegółowy,

2 – częściowy,

1 – podstawowy,