|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć: | | **Wprowadzenie do genomiki i biologii systemów** | | | | | | | | **ECTS** | **2** |
| Tłumaczenie nazwy na j. angielski: | | Introduction to genomics and systems biology | | | | | | | | | |
| 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: 7 | | | ⌧ semestr zimowy 🞎 semestr letni | | |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik): | | | | **2019/2020** | Numer katalogowy: | | **OGR-OR1-S-7Z55.14** | | |
|  | | | | | | | | | | | |
| Koordynator zajęć: | | Dr inż Magdalena Pawełkowicz | | | | | | | | | |
| 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: | | Na wykładach będą poruszane kwestie takie jak: Powstanie i głównie koncepcje genomiki i biologii systemów, nowe technologie sekwencjonowania DNA,strategie sekwencjonowania genomów, analiza strukturalna i funkcjonalna genomów, analiza transkryptomów, technologie macierzowe, metabolomika i jej zastosowanie. Profilowanie metabolomiczne, koncepcja metagenomiki i wykorzystanie metagenomiki w ochronie zdrowia roślin oraz koncepcja biologii systemów – sieci powiązań.  Tematyka ćwiczeń:   1. Składanie i adnotacja strukturalna genomów. 2. Konstruowanie bibliotek DNA 3. Adnotacja funkcjonalna 4. Klasyfikacja ontologiczna genów 5. Bazy danych wykorzystywane w genomice i biologii   Genomika i biologia systemów są szybko rozwijającymi się dziedzinami naukowymi, które dostarczają nowych informacji o sposobie funkcjonowania organizmów żywych w tym patogenów roślin. Genomika i biologia systemów dążą do integracji informacji doświadczeń wielkoskalowych. Wiedza z obszaru genomiki i biologii systemów znajduje praktyczne zastosowanie w opracowywaniu nowych metod walki z patogenami, uzyskiwania roślin odpornych jak również metod diagnostycznych przydatnych w ochronie zdrowia roślin. Celem przedmiotu jest przekazanie studentom podstawowej wiedzy z obszaru genomiki i biologii systemów umożliwiającej korzystanie z najnowszych osiągnięć naukowych w pracy zawodowej. | | | | | | | | | |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | | Wykłady liczba godzin 15  Ćwiczenia e liczba godzin 15 | | | | | | | | | |
| Metody dydaktyczne: | | Wykład z wykorzystaniem komputerowych prezentacji multimedialnych oraz krótkich animacji ilustrujących omawiane zagadnienia. Część ćwiczeniowa w laboratorium bioinformatycznym | | | | | | | | | |
| Wymagania formalne  i założenia wstępne: | | Podstawy bioinformatyki | | | | | | | | | |
| Efekty uczenia się: | | Wiedza:  W\_01- zna i rozumie podstawowe pojęcia z zakresu genomiki oraz charakteryzuje główne działy genomiki  W\_02 - zna problematykę pracy z dużymi zbiorami danych sekwencyjnych | | | Umiejętności:  U\_01 - potrafi dobrać metody bioinformatyczne na potrzeby analiz genomicznych  U\_02 - potrafi przeprowadzić adnotację strukturalną i funkcjonalną | | | Kompetencje:  K\_01 - jest gotowy do prawidłowego identyfikowania problemów wynikających ze złożoności genomów | | | |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | | Efekt W\_01, W\_02, U\_01, U\_02, K\_01 - egzamin pisemny; kolokwium pisemne;  Efekt U\_01, U\_02, K\_01 – zadanie projektowe | | | | | | | | | |
| Forma dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się: | | Treść pytań z egzaminu pisemnego, treści kolokwium ćwiczeniowego, realizacja zadania projektowych na ćwiczeniach | | | | | | | | | |
| Elementy i wagi mające wpływ  na ocenę końcową: | | Do weryfikacji efektów kształcenia służą:   1. Ocena z egzaminu pisemnego (50 %) 2. Ocena z kolokwium (25%) 3. Zadanie projektowe (25%)   Dla każdego z tych elementów określana jest maksymalna liczba punktów do uzyskania. Student, który uzyskał z każdego elementu przynajmniej 51% punktów zalicza przedmiot otrzymując ocenę zależną od wszystkich uzyskanych punktów. Do wyliczenia oceny końcowej stosowana jest następująca skala: 100-91% pkt - 5,0; 90-81% pkt - 4,5; 80-71% pkt - 4,0; 70-61% pkt - 3,5; 60-51% pkt - 3,0. | | | | | | | | | |
| Miejsce realizacji zajęć: | | Sala wykładowa i pracownia bioinformatyczna | | | | | | | | | |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca:   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.   Literatura naukowa podawana na bieżąco przez prowadzącego przedmiot  … | | | | | | | | | | | |
| 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: | **55 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 | zna i rozumie podstawowe pojęcia z zakresu genomiki oraz charakteryzuje główne działy genomiki | K\_W01 | 3 |
| Wiedza - W\_02 | zna problematykę pracy z dużymi zbiorami danych sekwencyjnych | K\_W10 | 2 |
| Wiedza - W\_03 | zna podstawowe narzędzia i metody wykorzystywane w genomice | K\_W11 | 3 |
| Umiejętności - U\_01- | potrafi dobrać metody bioinformatyczne na potrzeby analiz genomicznych | K\_U01; K\_U10 | 2; 2 |
| Umiejętności - U\_02 | potrafi przeprowadzić adnotację strukturalną i funkcjonalną | K\_U09; K\_U11 | 2; 2 |
| Kompetencje - K\_01 | jest gotowy do prawidłowego identyfikowania problemów wynikających ze złożoności genomów | K\_K05 | 3 |

\*)

3 – znaczący i szczegółowy,

2 – częściowy,

1 – podstawowy,