

**Karta przedmiotu**

Nazwa i kod przedmiotu	Funkcjonalna analiza sekwencji u Eukaryota - ćwiczenia laboratoryjne (Ćw. laboratoryjne), PG_00147776						
Kierunek studiów	Genetyka i biologia eksperymentalna (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2026/2027		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie	Grupa zajęć			Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć fakultatywnych		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	3	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	5	Liczba punktów ECTS			2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Wydział Biologii -> Katedra Biologii i Genetyki Medycznej -> Pracownia Molekularnych i Komórkowych Podstaw Strategii Nutr						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Marta Moskot				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	15.0	0.0	0.0	15
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów		Udział w konsultacjach		Praca własna studenta	RAZEM
	Liczba godzin pracy studenta	15		2.0		8.0	25
Cel przedmiotu	<p>1. Zapoznanie się z bazami danych sekwencji genetycznych.</p> <p>2. Nabycie umiejętności stosowania metod i technik służących analizie sekwencji u Eukaryota (programy GOrilla, AmiGO, ShinyGO)</p> <p>3. Identyfikacja roli produktu białkowego na podstawie analizy ścieżek molekularnych (baza KEGG)</p> <p>4. Funkcjonalna analiza sekwencji DNA z wykorzystaniem wyników pozyskanych z baz danych (GEO).</p>						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[GBEL3_U04] czytać ze zrozumieniem teksty naukowe w języku angielskim i polskim, dokonuje syntezy zawartej w nich wiedzy, przygotowuje dobrze udokumentowane opracowania problemów biologicznych oraz dotyczących komercjalizacji badań	Student po zapoznaniu się z prezentowanymi treściami we własnym zakresie poszerza wiedzę zapoznając się z dodatkowymi materiałami.	[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SU5] realizacja zadania problemowego
	[GBEL3_K07] uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu genetyki molekularnej i innych dziedzin	Student zdobywa wiedzę na temat nowych baz danych i metod analizy, oraz możliwości ich zastosowania.	[SK1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SK5] realizacja zadania problemowego
	[GBEL3_W06] rozwój i obecny stan wiedzy oraz najnowsze trendy genetyki molekularnej i dziedzin pokrewnych; wskazuje ich związek z innymi dyscyplinami nauk przyrodniczych lub medycznych i możliwości ich wykorzystania w praktyce	Student potrafi znaleźć i zweryfikować narzędzia oraz opisać wyniki przeprowadzonych z ich użyciem analiz.	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
	[GBEL3_W05] zasady planowania badań w oparciu o osiągnięcia nauk biologicznych i dziedzin pokrewnych możliwości wykorzystania ich rezultatów w praktyce, zasady funkcjonowania sprzętu i aparatury stosowanej w badaniach z zakresu genetyki molekularnej oraz zasadę interpretowania zjawisk i procesów biologicznych opartego na danych empirycznych w pracy badawczej i działaniach praktycznych, z uwzględnieniem zrównoważonego użytkowania różnorodności biologicznej	Student dokonuje syntezy zawartej w dostępnych źródłach wiedzy, przygotowując dobrze udokumentowane opracowania problemów biologicznych.	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
	[GBEL3_W03] mechanizmy molekularne przekazywania informacji genetycznej i ekspresji genów oraz molekularne i genetyczne podłoże fizjologii i chorób człowieka, w tym chorób zakaźnych	Student zna mechanizmy przekazywania informacji genetycznej i ekspresji genów, potrafi wykorzystać analizę ontologiczną (GO) do znajdowania i przypisywania genom ich roli oraz miejsca w procesach biologicznych.	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
[GBEL3_W01] budowę i właściwości podstawowych typów makrocząsteczek biologicznych, mechanizmy molekularne szlaków metabolizmu podstawowego i przepływu informacji genetycznej oraz źródła zmienności genetycznej organizmów i mechanizmy ewolucji; objaśnia reguły dziedziczenia, wyjaśnia różnice w budowie i funkcjonowaniu komórki prokariotycznej i eukariotycznej oraz budowę i zależności funkcjonalne na poziomie komórkowym i tkankowym	Student rozumie znaczenie procesów biologicznych w funkcjonowaniu komórek i całych organizmów eukariotycznych.	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SW5] realizacja zadania problemowego	
Treści przedmiotu	Podstawowe metody i podejścia badawcze genetyki. Ontologia, anotacja sekwencji DNA Eukaryota. Metody bioinformatyczne badania ekspresji, funkcji i regulacji ekspresji genów. Bioinformatyczne bazy danych i ich zastosowanie w funkcjonalnej analizie porównawczej organizmów.		
Wymagania wstępne i dodatkowe	Podstawowa wiedza z zakresu biologii komórki, biologii molekularnej, genetyki.		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Analizy wykonane z wykorzystaniem poznanych na zajęciach programów i baz danych	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	The Gene Ontology Handbook, Christophe Dessimoz, Nives Škunca, 2017	
	Uzupełniająca lista lektur	Publikacje naukowe z zakresu analizy ontologicznej, ze szczególnym uwzględnieniem prac opisujących metodykę wykorzystywanych podczas zajęć (programów i baz danych).	
	Adresy eZasobów	Uzupełniające Adresy na platformie eNauczanie:	

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<p>1.Która z baz danych pozwala prześledzić szlaki tworzenia leków?</p> <p>2.Wymień geny należące do: hsa00590 Arachidonic acid metabolism.</p> <p>3.Którego z programów użył(a)byś do wyszukania genów należących do procesu biologicznego dla Glycine max?</p> <p>4..Jaki program oraz typ analizy wybrał(a)byś celem przeprowadzenia analizy ontologicznej grupy genów należących do Vibrio cholerae?</p> <p>.Który z poznanych programów do analizy ontologicznej wykorzystał(a)byś we własnych badaniach i dlaczego?</p>
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.