

Karta przedmiotu

| | | | | | | | |
|--|---|---|-----------|------------------------|--|-----------------------|-------|
| Nazwa i kod przedmiotu | Funkcjonalna analiza sekwencji DNA u Eukariota - ćwiczenia audytoryjne (ćwiczenia audytoryjne), PG_00149276 | | | | | | |
| Kierunek studiów | Biologia medyczna (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 | 6 | Liczba punktów ECTS | | | 1.0 | | |
| 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 | 15.0 | 0.0 | 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 | | 4.0 | | 6.0 | 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, DAVID, 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 |
| | [BIOLMEDL3_W12] orientuje się w rozwoju i obecnym stanie wiedzy oraz najnowszych trendach biologii medycznej; wskazuje ich związek z innymi dyscyplinami nauk przyrodniczych lub medycznych | Student orientuje się w obecnym stanie wiedzy oraz najnowszych trendach biologii molekularnej wskazuje ich związek z innymi dyscyplinami nauk przyrodniczych lub medycznych. | [SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja |
| | [BIOLMEDL3_U06] czyta ze zrozumieniem teksty naukowe w języku polskim i proste teksty w języku angielskim w zakresie biologii medycznej; samodzielnie wyszukuje i korzysta z dostępnych źródeł informacji, w tym ze źródeł elektronicznych | Student po zapoznaniu się z prezentowanymi treściami we własnym zakresie poszerza wiedzę zapoznając się z dodatkowymi materiałami. | [SU5] realizacja zadania problemowego |
| | [BIOLMEDL3_U05] dokonuje syntezy danych pochodzących z różnych źródeł i wyciąga na tej podstawie właściwe wnioski | Student dokonuje syntezy zawartej w dostępnych źródłach wiedzy, przygotowując dobrze udokumentowane opracowania problemów biologicznych. | [SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny |
| | [BIOLMEDL3_K01] rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu biologii medycznej i dyscyplin pokrewnych | Student zdobywa wiedzę na temat nowych baz danych i metod analizy, oraz możliwości ich zastosowania. | [SK4] test/egzamin - ustny lub pisemny |
| [BIOLMEDL3_W02] opisuje budowę i właściwości podstawowych typów makrocząsteczek biologicznych, mechanizmy molekularne szlaków metabolizmu podstawowego i przepływu informacji genetycznej oraz źródła zmienności organizmów; objaśnia reguły dziedziczenia | Student rozumie znaczenie procesów biologicznych w funkcjonowaniu komórek i całych organizmów eukariotycznych. | [SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja | |
| 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 |
| | Kolokwium | 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>5. 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.