

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Morskie nauki omiczne - wykład, PG_00192697						
Kierunek studiów	Marine Biotechnology (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2027/2028		
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć			Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	2	Język wykładowy			angielski		
Semestr studiów	3	Liczba punktów ECTS			2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			egzamin		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	dr hab. Paulina Czaplewska					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	28.0	0.0	0.0	0.0	0.0	28
	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	28		2.0		20.0	50
Cel przedmiotu	Celem zajęć jest zapoznanie z podstawami metabolomiki, genomiki, transkryptomiki oraz proteomiki jako technik stosowanych w szeroko rozumianych badaniach omicznych związanych z morzem i jego ekosystemem. Ponadto, w ramach zajęć studenci nauczą się technik sekwencjonowania nowej generacji (NGS) oraz analizowania mikrobiomów środowisk związanych z morzem.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[MBMU2-KW03] Zna i rozumie w pogłębionym stopniu złożone zjawiska biologiczne na poziomie molekularnym, rozumie ich znaczenie dla organizmu, środowiska morskiego i biotechnologii morskiej	KW_01: Rozumie złożone zjawiska biologiczne na poziomie molekularnym, zna ich znaczenie dla biotechnologii oraz ich związki z innymi dziedzinami i dyscyplinami nauki K_W04: Zna podstawowe zasady bezpieczeństwa pracy, rozumie zagrożenia związane z pracą laboratoryjną, zna zagrożenia związane z prowadzeniem badania laboratoryjne, zna zagrożenia związane z pracą z organizmami chorobotwórczymi i GMO	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[MBMU2-KW01] Zna i rozumie w pogłębionym stopniu znaczenie, ograniczenia i potencjał aplikacyjny naturalnych zasobów morskich w kontekście złożonych uwarunkowań biologicznych, środowiskowych i technologicznych rozwoju biotechnologii.	Posiada umiejętności niezbędne do pracy laboratoryjnej; potrafi zaplanować przeprowadzenie eksperymentu i przeprowadzić go, potrafi udokumentować własne operacje i wyniki; w pracy laboratoryjnej, pod okiem prowadzącego, posługuje się złożonymi technikami i narzędziami badawczymi, potrafi posługiwać się sprzętem laboratoryjnym (KU_01). Gromadzi i interpretuje dane empiryczne, w analizie danych wykorzystuje metody statystyczne i narzędzia informatyczne, wyciąga wnioski na podstawie danych empirycznych (K_U05)	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny

<p>Treści przedmiotu</p>	<p>Organizacja i zawartość genetyczna genomów prokariotycznych (bakterie, archeony) i eukariotycznych (drożdże, ludzie, rośliny).</p> <p>Projekt genomu człowieka. Znaczenie mobilnych elementów genetycznych dla organizacji i wielkości genomów. Genom i genom mitochondrialny, plastydy. Genomy wirusów. Genomika porównawcza. Wpływ genomiki na medycynę i społeczeństwo. Wykorzystanie starożytnego DNA w genomice. Ewolucja genomów.</p> <p>Techniki sekwencjonowania nowej generacji (NGS): Pobieranie próbek środowiskowych z mórz, zabezpieczanie próbek, izolacja materiału genetycznego, przygotowanie biblioteki do sekwencjonowania wysokoprzepustowego, prowadzenie procesu sekwencjonowania.</p> <p>Sekwencje chimeryczne. Wyodrębnianie OTU, AVS. Metagenomika.</p> <p>Genomika i projekty sekwencjonowania genomów.</p> <p>Składanie i adnotacja genomów</p> <p>Genomika porównawcza. Profile filogenetyczne i regiony plastyczności genomowej.</p> <p>Analiza pangénomowa, poznanie pangénomu, genów rdzeniowych (core genom), genów unikalnych dla poszczególnych szczepów (dispensable genes),</p> <p>Analizy genomowe z użyciem wskaźników ogólnego pokrewieństwa genomów (Overall Genome Related Index (OGRI) methods: analiza ANI/AAI, hybrydyzacja DNA-DNA in silico.</p> <p>Filogenomika.</p> <p>Wyszukiwanie sekwencji plazmidów, profagów i mobilnych elementów genetycznych w danych NGS</p> <p>Wyszukiwanie klastrów genów kodujących metabolity wtórne oraz systemy sekrecji.</p> <p>Analiza danych metagenomicznych: Manipulacja i analiza zebranych danych metagenomicznych, interpretacja wyników dotyczących mikrobiomów morskich środowisk.</p> <p>Wprowadzenie do spektrometrii mas, fizyczne podstawy pomiaru widm MS, aparatura i podstawy rejestracji widm MS. Analiza jakościowa i ilościowa w analizie proteomicznej z wykorzystaniem spektrometrii masowej. Metody przygotowania próbek do analizy MS, rejestracja i analiza widm peptydów i białek (ESI, MALDI). Analiza modyfikacji potranslacyjnych w MS Przygotowanie białka przed analizą MS, trawienie w roztworze i trawienie w żelu. Analiza danych MS z wykorzystaniem widm MS i baz danych białek.</p> <p>Wpływ różnych czynników na zmiany profilu metabolitów.</p>						
<p>Wymagania wstępne i dodatkowe</p>	<p>Wymagania formalne - brak wymagań formalnych</p> <p>Wymagane jest uzyskanie wiedzy, umiejętności i kompetencji realizowanych dla określonych przedmiotów: Biochemia (wykład), Chemia organiczna (wykład), Bioróżnorodność i podstawy taksonomii, Bioinformatyczna analiza sekwencji, Biologia molekularna i genetyka</p> <p>Po zaliczeniu przedmiotów obowiązkowych w pierwszych trzech semestrach student posiada wiedzę i umiejętności kwalifikujące go do udziału i zaliczenia przedmiotu</p>						
<p>Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się</p>	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Sposób oceniania (składowe)</th> <th>Próg zaliczeniowy</th> <th>Składowa oceny końcowej</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Egzamin</td> <td>51.0%</td> <td>100.0%</td> </tr> </tbody> </table>	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej	Egzamin	51.0%	100.0%
Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej					
Egzamin	51.0%	100.0%					

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<p>Publikacje naukowe i opracowania przygotowywane przez prowadzącego i udostępniane studentom podczas zajęć.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Genomes 3 T.A. Brown , 2007, Garland Science • Brown T.A. Genomy, wyd. II, przekład pod red. P. Węgleńskiego, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2009. • Molecular Biology of the Gene, wydanie 7, 2014, Pearson <ul style="list-style-type: none"> • Johnstone Robert A.W. I Malcolm E.Rose, Spektrometria mas, PWN 2001 <p>De Hoffmann, Edmond, Charette, Jean Joseph, Stroobant, Vincent, Spektrometria mas, Wydawnictwa Naukowo-Techniczne 1998 Materials provided by the teacher</p>
	Uzupełniająca lista lektur	<p>Primers for Proteomics https://doi.org/10.1142/13595 May 2024 Pages: 250 Edited by: Paulina Czaplewska (University of Gdańsk, Poland & Medical University of Gdańsk, Poland), Katarzyna Macur (University of Gdańsk, Poland & Medical University of Gdańsk, Poland), and Paweł Ciborowski (University of Nebraska Medical Center, USA)</p> <p>Metagenomics: Techniques, Applications, Challenges and Opportunities; Reena Singh Chopra, Chirag Chopra, Neeta Raj Sharma; 2020, Springer https://doi.org/10.1007/978-981-15-6529-8</p>
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.