

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Biochemiczne podstawy ekspresji genów (Wykład), PG_00207431						
Kierunek studiów	Biologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2028/2029		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie		Grupa zajęć		Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć fakultatywnych Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	3		Język wykładowy		polski		
Semestr studiów	5		Liczba punktów ECTS		1.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Biologii i Genetyki Medycznej -> Pracownia Sygnalizacji Wewnątrzkomórkowej						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr hab. Monika Słomińska-Wojewódzka				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	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		1.0		9.0	25
Cel przedmiotu	1. Zapoznanie z budową cząsteczek mRNA, tRNA, a także działaniem syntetaz aminoacylo-tRNA i rybosomów. 2. Dokładne poznanie mechanizmów syntezy białek w komórkach prokariotycznych i eukariotycznych oraz omówienie sposobów regulacji tego procesu na różnych jego etapach. 3. Poznanie ogólnych zagadnień związanych z fałdowaniem białek i ich degradacją. 4. Umiejętność korzystania z dostępnych źródeł informacji biologicznej w przygotowywaniu prezentacji naukowych.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[BIOLL3_W07] zna rozwój biologii jako nauki, jej powiązania z innymi dyscyplinami oraz zasady wykorzystania wiedzy biologicznej w gospodarce i życiu społecznym, w tym w przedsiębiorczości		
	[BIOLL3_W05] zna w stopniu zaawansowanym metody doświadczalne, techniki laboratoryjne i terenowe oraz zasady planowania i prowadzenia badań biologicznych		
	[BIOLL3_U09] potrafi uczyć się samodzielnie i planować własny rozwój w sposób ukierunkowany		
	[BIOLL3_U03] potrafi wyszukiwać, selekcjonować i krytycznie analizować informacje z różnych źródeł, w tym literatury naukowej i baz elektronicznych, oraz czytać ze zrozumieniem teksty naukowe w języku polskim i w języku angielskim		
	[BIOLL3_K04] jest gotów do stosowania zasad bioetyki, rzetelności naukowej oraz uczciwości, w tym właściwego postępowania z materiałem biologicznym i poszanowania własności intelektualnej		
	[BIOLL3_K01] jest gotów do krytycznej oceny posiadanej wiedzy biologicznej oraz ciągłego jej aktualizowania i rozwijania, z uwzględnieniem postępu naukowego i potrzeb praktyki		
Treści przedmiotu	mRNA: różnice w budowie prokariotycznego i eukariotycznego mRNA, struktura końców 5' i 3' mRNA, stabilność i degradacja mRNA. tRNA: budowa, modyfikacje zasad w tRNA, dojrzewanie tRNA, izoakceptorowe tRNA. Kod genetyczny: rys historyczny, właściwości, zasada chwiejności kodu, odstępstwa od uniwersalności kodu. Syntetazy aminoacylo-tRNA: budowa, klasyfikacja, mechanizm działania. Rybosomy: budowa rybosomów prokariotycznych i eukariotycznych, ułożenie miejsc aktywnych, charakterystyka rRNA. Regulacja ekspresji genów na poziomie procesu translacji. Inicjacja translacji w komórkach prokariotycznych i eukariotycznych: etapy procesu inicjacji translacji, rola czynników inicjacyjnych (IF), budowa i rola inicjatorowych tRNA. Elongacja translacji: rola czynników elongacyjnych (EF), etapy procesu elongacji, działanie antybiotyków hamujących elongację, mechanizm tworzenia wiązania peptydowego. Terminacja translacji: mechanizm terminacji, rola czynników terminacji (RF). Mechanizm kodowania selenocysteiny. Systemy kontroli jakości mRNA. Mutacje supresorowe: mechanizm supresji mutacji typu missensnonsens i insercyjnych. Programowalne przesunięcie ramy odczytu mRNA. Ogólne zasady fałdowania białek. Wybrane modyfikacje potranslacyjne białek. Ogólne zagadnienia związane z degradacją białek.		
Wymagania wstępne i dodatkowe	Podstawowa wiedza z biologii komórki, biologii molekularnej, biochemii. Dobra znajomość j. angielskiego.		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	test - obejmuje stopień opanowania materiału obowiązującego na wykładach w formie pisemnej	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	1. Molecular Cell Biology, Lodish H., Berk A., Zipursky S.L., Matsudaira P., Baltimore D., Darnell J.E.; W.H. Freeman and Company, 2016 2. Molecular Biology of the Cell, Alberts B., Johnson A., Lewis J., Raff M., Roberts K., Walter P.; 2022 3. Genes VIII, Lewin B., Benjamin Cummings, 2014	

	Uzupełniająca lista lektur	1. Biochemia, Berg J.M., Stryer L., Tymoczko J.L., wydanie polskie, PWN, 2019 2. Cytobiochemia, Klyszejko-Stefanowicz L., PWN 2022 3. Słomińska-Wojewódzka M, Sandvig, K. The Role of Lectin-Carbohydrate Interactions in the Regulation of ER-Associated Protein Degradation. Molecules, 2015, 20: 9816-9846. 4. Nowakowska-Gołącka J, Sominka H, Sowa-Rogozińska N, Słomińska-Wojewódzka M. Toxins Utilize the Endoplasmic Reticulum-Associated Protein Degradation Pathway in Their Intoxication Process. 2019, Int J Mol Sci, 20 (6).
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Różnice w przebiegu translacji między komórkami prokariotycznymi i eukariotycznymi. Mechanizmy regulacji inicjacji translacji.	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.