



Genomika i proteomika  
Karta opisu przedmiotu

**Informacje podstawowe**

<b>Kierunek studiów</b> bioinformatyka	<b>Cykl kształcenia</b> 2020/21	
<b>Specjalność</b> -	<b>Kod przedmiotu</b> WBiHZBBIS.L10B.0773.20	
<b>Jednostka organizacyjna</b> Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt	<b>Języki wykładowe</b> Polski	
<b>Poziom studiów</b> studia pierwszego stopnia (licencjat)	<b>Obligatoryjność</b> Fakultatywny	
<b>Forma studiów</b> stacjonarne	<b>Blok zajęciowy</b> Przedmioty kierunkowe	
<b>Profil studiów</b> ogólnoakademicki	<b>Dyscypliny</b> Nauki biologiczne	
	<b>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi</b> Nie	
	<b>Przedmiot kształtujący umiejętności praktyczne</b> Nie	
<b>Nauczyciel akademicki odpowiedzialny za przedmiot</b>	Bożena Marszałek-Kruk, Tomasz Strzała	
<b>Pozostali prowadzący</b>	Bożena Marszałek-Kruk, Tomasz Strzała	
<b>Okres</b> Semestr 5	<b>Forma zaliczenia</b> Egzamin	<b>Liczba punktów ECTS</b> 3.0
	<b>Forma prowadzenia i godziny zajęć</b> Wykład: 15 Ćwiczenia laboratoryjne: 30	

**Cele kształcenia dla przedmiotu**

C1	Anatomia genomów, analiza porównawcza i filogeneza genomów, funkcjonowanie genomów, mechanizmy ewolucji genomów, budowa genomu człowieka. Profilowanie białek, metoda identyfikacji białek w proteomie; Rozpoznawanie białek oddziałujących ze sobą; Powiązanie i następstwo proteomiki, metabolomiki, systemów biologicznych i ich funkcje w komórce.
----	--

## Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty uczenia się w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
<b>Wiedzy - Student zna i rozumie:</b>			
W1	różnicę pomiędzy genomami jądrowymi i mitochondrialnymi różnych gatunków zwierząt i roślin oraz zna metody mapowania i sekwencjonowania genomów.	BI_P6S_WG03, BI_P6S_WG07, BI_P6S_WG10	Egzamin pisemny
W2	budowę i funkcję białek w komórce; ma ogólną wiedzę o technikach identyfikacji białek.	BI_P6S_WG02, BI_P6S_WG03, BI_P6S_WG10	Egzamin pisemny
W3	techniki elektroforezy żelowej białek; zna pojęcia denaturacji, proteomu.	BI_P6S_WG03, BI_P6S_WK11	Egzamin pisemny
<b>Umiejętności - Student potrafi:</b>			
U1	korzystać z wybranych baz danych sekwencji genomowych; umie przeanalizować różnice w budowie prostych genomów i określić funkcje poszczególnych elementów je budujących.	BI_P6S_UW02, BI_P6S_UW06	Projekt, Aktywność na zajęciach, Kolokwium
U2	przygotować żel denaturujący, potrafi wykonać elektroforezę białek w warunkach denaturujących oraz w warunkach natywnych.	BI_P6S_UW02	Projekt, Aktywność na zajęciach, Kolokwium
U3	zapoznaje się z odpowiednimi programami komputerowymi stosowanymi do analizy struktur przestrzennych białek.	BI_P6S_UW02, BI_P6S_UW06	Projekt, Aktywność na zajęciach, Kolokwium
<b>Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:</b>			
K1	Student zna zasady bezpiecznej pracy w laboratorium genetycznym.	BI_P6S_KK01, BI_P6S_KK03	Projekt, Aktywność na zajęciach, Kolokwium
K2	Student wykazuje odpowiedzialność za powierzony drobny sprzęt laboratoryjny, ma świadomość odpowiedzialności za wspólnie przygotowywane doświadczenia.	BI_P6S_KK02	Projekt, Aktywność na zajęciach, Kolokwium

## Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane aktywności
Wykład	15
Ćwiczenia laboratoryjne	30
Udział w egzaminie	4
Przygotowanie do egzaminu/zaliczenia	12
Przygotowanie do zajęć	12
Przygotowanie projektu	10

<b>Łączny nakład pracy studenta</b>	<b>Liczba godzin</b> 83	<b>ECTS</b> 3.0
<b>Zajęcia z bezpośrednim udziałem nauczyciela</b>	<b>Liczba godzin</b> 49	<b>ECTS</b> 1.9
<b>Nakład pracy związany z zajęciami o charakterze praktycznym</b>	<b>Liczba godzin</b> 30	<b>ECTS</b> 1.0

\* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

## Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Formy prowadzenia zajęć
1.	1. Budowa i funkcje genomów pro- i eukariotycznych (1h) 2. Metody mapowania genomów (2h) 3. Sekwencjonowanie genomów (2h) 4. Metody porównywania genomów (1h) 5. Mechanizmy ewolucji genomów (1h) 6. Wprowadzenie do proteomiki (2h) 7. Profilowanie białek-metoda identyfikacji białek w proteomie (2h) 8. Identyfikacja białek oddziałujących ze sobą (2h) 9. Od proteomiki poprzez metabolomikę do systemów biologicznych (2h)	Wykład
2.	Szczegółowa tematyka ćwiczeń (w sumie 30h, laboratorium/pracownia komputerowa) 1. Genomowe bazy danych - wyszukiwanie informacji o genomach (3h) (prac. komp.) 2. Odnajdywanie i pozyskiwanie sekwencji do analiz (3h) (prac. komp.) 3. Poszukiwanie podobieństw i różnic w analizowanych fragmentach genomów (3h) (prac. komp.) 4. Przedstawienie założeń i wyników projektu Ensembl - analiza genomu ludzkiego (3h) (prac. komp.) 5. Ensembl - wyszukiwanie genomów do analiz (3h) (prac. komp.) 6. Ensembl - odczytywanie sekwencji genomów i ich charakterystyka (3h) (prac. komp.) 7. Elektroforeza białek w warunkach denaturujących SDS-PAGE (6h) (lab) 8. Analiza przestrzenna białek z wykorzystaniem systemów komputerowych (6h) (prac. komp.)	Ćwiczenia laboratoryjne

## Informacje rozszerzone

### Metody nauczania:

Wykład, Ćwiczenia

Aktywności	Metody zaliczenia	Udział procentowy w ocenie łącznej przedmiotu
Wykład	Egzamin pisemny	50%
Ćwiczenia laboratoryjne	Projekt, Aktywność na zajęciach, Kolokwium	50%

## Wymagania wstępne

biochemia, genetyka ogólna, biologia molekularna, podstawy bioinformatyki

## Literatura

### Obowiązkowa

1. Brown T.A. Genomy, PWN Warszawa, 2009
2. Bergman, Nicholas H. Comparative Genomics, Humana Press, 2007
3. Drewa G., Ferenc T. Genetyka medyczna. Elsevier Urban & Partner, Wrocław 2011
4. Węgleński P. Genetyka molekularna. Wyd. Naukowe PWN, Warszawa 2006

### Dodatkowa

1. Bał J. Biologia molekularna w medycynie. Wyd. Naukowe PWN, Warszawa 2007
2. Epstein RJ. Biologia molekularna człowieka. Wydawnictwo Czelej 2005

## Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
BI_P6S_KK01	Absolwent jest gotów do krytycznej oceny posiadanej wiedzy i jej aktualizacji
BI_P6S_KK02	Absolwent jest gotów do odpowiedniego określania priorytetów służących realizacji określonego zadania
BI_P6S_KK03	Absolwent jest gotów do stosowania metod badawczych właściwych dla bioinformatyki, ma znajomość rozwoju dziedzin nauki i dyscyplin naukowych
BI_P6S_UW02	Absolwent potrafi stosować techniki i narzędzia badawcze w zakresie biologii eksperymentalnej, ze szczególnym uwzględnieniem biochemii, biofizyki i biologii molekularnej
BI_P6S_UW06	Absolwent potrafi stosować metody informatyczne do opisu i interpretacji wyników uzyskanych w analizie danych biologicznych i hodowlanych
BI_P6S_WG02	Absolwent zna i rozumie specyfikę interpretacji wyników analiz biologicznych
BI_P6S_WG03	Absolwent zna i rozumie zjawiska i procesy fizyczne, chemiczne oraz biochemiczne zachodzące w przyrodzie i w organizmach żywych
BI_P6S_WG07	Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym zagadnienia z zakresu problemów właściwych dla bioinformatyki oraz zna ich powiązania z innymi dyscyplinami przyrodniczymi i możliwościami ich wykorzystania w praktyce
BI_P6S_WG10	Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym elementarne techniki biologii molekularnej
BI_P6S_WK11	Absolwent zna i rozumie zasady bezpieczeństwa i higieny pracy oraz ergonomii