



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Genomika funkcjonalna [S1Bioinf1>GFUN]

Przedmiot

Kierunek studiów
Bioinformatyka

Rok/Semestr
3/5

Studia w zakresie (specjalność)
–

Profil studiów
ogólnoakademicki

Poziom studiów
pierwszego stopnia

Język oferowanego przedmiotu
polski

Forma studiów
stacjonarne

Wymagalność
obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład
15

Laboratorium
30

Inne
0

Ćwiczenia
0

Projekty/seminaria
0

Liczba punktów ECTS

4,00

Koordynatorzy

Małgorzata Marcinkowska-Swojak
dr Arkadiusz Kajdasz
akajdasz@ibch.poznan.pl

Wykładowcy

Wymagania wstępne

Student rozpoczynający przedmiot powinien znać podstawowe pojęcia, mechanizmy oraz metody badawcze z zakresu biologii molekularnej i genetyki. Ponadto powinien cechować się zaangażowaniem i ciekawością poznawczą.

Cel przedmiotu

Przekazanie studentom wiedzy z zakresu wybranych zagadnień genomiki funkcjonalnej. Zaznajomienie z dostępnymi metodami eksperymentalnymi badania genomu człowieka i podstawowymi metodami analiz wyników płynących z eksperymentów. Zapoznanie z podstawowymi bazami danych genomicznych i wykształcenie umiejętności pozyskiwania z nich pożądaných informacji. Wykształcenie zdolności do rozwiązywania problemów badawczych w oparciu o nowoczesne narzędzia analityczne z zakresu genomiki. Kształtowanie umiejętności integracji i interpretacji danych genetycznych i genomicznych.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

1. Student ma wiedzę z zakresu organizacji i funkcji genomu człowieka niezbędną do formułowania i rozwiązywania problemów badawczych z zakresu genomiki.
2. Zna metody wykorzystywane w genomice i rozumie, jak zaplanować eksperyment z ich wykorzystaniem.
3. Zna problematykę związaną z analizą i przetwarzaniem danych genomicznych.
4. Ma aktualną wiedzę w zakresie najnowszych trendów i dokonań z dziedziny genomiki.

Umiejętności:

1. Student potrafi dobrać odpowiednie techniki analiz genomicznych do danego problemu badawczego i zaplanować eksperyment z ich wykorzystaniem.
2. Potrafi korzystać z podstawowych baz danych genomicznych i pozyskiwać z nich niezbędne w planowaniu badań informacje.
3. Potrafi pod kierunkiem opiekuna naukowego wykonać prostą analizę genomu.
4. Potrafi na poziomie podstawowym integrować dane genomiczne, transkryptomowe i proteomiczne.
5. Potrafi interpretować uzyskane wyniki oraz wyciągać na ich podstawie wnioski.

Kompetencje społeczne:

1. Student rozumie potrzebę aktualizacji wiedzy dotyczącej narzędzi badawczych z zakresu genomiki.
2. Jest świadomy potencjału badań genomicznych i gotów do dyskusji nad zastosowaniem metod genomicznych w badaniach naukowych.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Wiedza nabyta w trakcie wykładów jest weryfikowana podczas egzaminu pisemnego, składającego się z pytań zamkniętych i otwartych. Ocenę pozytywną można uzyskać po przekroczeniu połowy maksymalnej liczby punktów. Premiowane jest systematyczne uczestnictwo w wykładach.

Umiejętności nabyte w trakcie laboratoriów weryfikowane są na podstawie oceny krótkiego raportu dotyczącego zrealizowanego ćwiczenia. Wszystkie ćwiczenia należy mieć zaliczone pozytywnie, dopuszcza się poprawki. Ocena podsumowująca jest średnią arytmetyczną z ocen dla wszystkich ćwiczeń.

Treści programowe

I. Wykłady

W ramach wykładu przedstawiane są następujące zagadnienia:

1. Wprowadzenie. Główne koncepcje genomiki funkcjonalnej, historia badań genomicznych.
2. Organizacja i funkcje genomu człowieka. Zmienność genomu człowieka.
3. Genom, transkryptom, proteom - integracja danych w badania naukowych.
4. Metody badania struktury genomu człowieka. Mapowanie genomów.
5. Metody badania funkcji genomu człowieka.
6. Metody wielkoskalowe analizy genomów. Sekwencjonowanie genomów.
7. Ewolucja genomów i filogenetyka. Genomy kopalne.
8. Projekty genomiczne w Polsce i na świecie. Podsumowanie.

II. Laboratoria

Treści i zadania omawiane na zajęciach laboratoryjnych są skorelowane z zagadnieniami prezentowanymi w trakcie wykładu.

Tematyka zajęć

I. Wykłady

W ramach wykładu przedstawiane są następujące zagadnienia:

1. Wprowadzenie. Główne koncepcje genomiki funkcjonalnej, historia badań genomicznych.
2. Organizacja i funkcje genomu człowieka. Zmienność genomu człowieka.
3. Genom, transkryptom, proteom - integracja danych w badania naukowych.
4. Metody badania struktury genomu człowieka. Mapowanie genomów.
5. Metody badania funkcji genomu człowieka.
6. Metody wielkoskalowe analizy genomów. Sekwencjonowanie genomów.
7. Ewolucja genomów i filogenetyka. Genomy kopalne.
8. Projekty genomiczne w Polsce i na świecie. Podsumowanie.

II. Laboratoria

Treści i zadania omawiane na zajęciach laboratoryjnych są skorelowane z zagadnieniami prezentowanymi w trakcie wykładu.

Metody dydaktyczne

1. Wykłady interaktywne, oparte o aktualną wiedzę z zakresu genomiki funkcjonalnej wraz z przykładami, ilustrowane prezentacją multimedialną.
2. Laboratoria w formie 15 dwugodzinnych zajęć odbywają się w laboratorium komputerowym i obejmują praktyczne zadania ilustrujące problematykę poruszaną na wykładach oraz dyskusję proponowanych przez studentów rozwiązań.

Literatura

Podstawowa

T.A. Brown "Genomy 3" Warszawa 2009 (lub nowsze)

K.M. Charon, M. Światoński "Genetyka i genomika zwierząt" Warszawa 2012 (lub nowsze)

Uzupełniająca

R. Słomski "Analiza DNA. Teoria i praktyka" Poznań 2008 (lub nowsze)

Berg, Tymoczko, Stryer "Biochemia" Warszawa 2011 (lub nowsze)

Publikacje wskazywane w trakcie wykładów i laboratoriów

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	100	4,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	45	2,00
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwium/egzaminu, wykonanie projektu)	55	2,00