


KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

 Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY


Nazwa przedmiotu			Kod ECTS
Wykład specjalizacyjny - Genetyka molekularna ZAO			13.3.0943
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Biotechnologii Molekularnej			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	drugiego stopnia
Wydział Chemii	Chemia	forma	niestacjonarne (zaoczne)
		moduł	wszystkie
		specjalnościowy	wszystkie
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
prof. dr hab. Piotr Skowron; dr Joanna Jeżewska-Frąckowiak; prof. UG, dr hab. Agnieszka Żylicz-Stachula			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin			Liczba punktów ECTS
Formy zajęć			3 zajęcia 18 godz. konsultacje 15 godz. praca własna studenta 42 godz. RAZEM: 75 godz. - 3 ECTS
Wykład			
Sposób realizacji zajęć			
zajęcia w sali dydaktycznej			
Liczba godzin			
Wykład: 18 godz.			
Termin realizacji przedmiotu			
2019/2020 letni			
Status przedmiotu		Język wykładowy	
obowiązkowy		polski	
Metody dydaktyczne		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne	
- Dyskusja - Wykład z prezentacją multimedialną		Sposób zaliczenia	
		Zaliczenie na ocenę	
		Formy zaliczenia	
		- egzamin pisemny z pytaniami (zadaniami) otwartymi - Na końcową ocenę z przedmiotu mają wpływ: suma punktów uzyskanych podczas egzaminu pisemnego, obejmującego część testową oraz esej. Na ocenę ma również wpływ aktywność studentów podczas dyskusji w czasie trwania wykładów. - egzamin pisemny testowy - egzamin pisemny (dłuższa wypowiedź pisemna / rozwiązanie problemu)	
		Podstawowe kryteria oceny	
		Na końcową ocenę z przedmiotu mają wpływ: suma punktów uzyskanych podczas egzaminu pisemnego, obejmującego część testową oraz esej. Na ocenę ma również wpływ aktywność studentów podczas dyskusji w czasie trwania wykładów. Ocena końcowa według skali ocen podanej w Regulaminie Studiów. Poprawa pisemna w postaci testu dla studentów, którzy w pierwszym terminie nie uzyskali wymaganych 51%. Ocena końcowa według skali ocen podanej w Regulaminie Studiów. Poprawa pisemna w postaci testu dla studentów, którzy w pierwszym terminie nie uzyskali wymaganych 51%.	
Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia			

Sposoby weryfikacji przyswojenia wiedzy:

Odpowiada na pytania z zakresu wykładanego przedmiotu (K_W05).

Sposób weryfikacji nabycia umiejętności:

Odpowiada na pytania z zakresu wykładanego przedmiotu (K_U04)

Sposoby weryfikacji nabrania kompetencji społecznych:

Odpowiadając na pytania problemowe podczas wykładu i uczy się formułowania dojrzałych wypowiedzi, posilując się również wiedzą nabytą podczas całego okresu studiów. Dyskutuje z innymi studentami, starając się znaleźć optymalną drogę do rozwiązania problemu (K_K01).

Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi

A. Wymagania formalne

brak

B. Wymagania wstępne

brak

Cele kształcenia

1. Zapoznanie studentów z budową i strukturą genomu oraz prawami, które rządzą dziedziczeniem.
2. Zapoznanie studentów z wymienionymi w sylabusie procesami dotyczącymi obróbki genów (replikacja, naprawa, re-kombinacja, transkrypcja, translacja, regulacja ekspresji genów).
3. Wskazanie różnic w budowie i działaniu genów prokariotycznych i eukariotycznych.
4. Zapoznanie studentów z technikami sekwencjonowania DNA oraz najnowszymi trendami w tej dziedzinie.

Treści programowe

A. Problematyka wykładu

Budowa, struktura i fizyczna organizacja materiału genetycznego, kod genetyczny, geny a fenotyp, Prawa Mendla, bakteriofagi, replikacja DNA, naprawa DNA, mutacje, rekombinacja DNA, transkrypcja DNA, katalityczny i regulatorowy RNA, translacja, regulacja ekspresji genów, przełączniki transkrypcyjne: operony indukowalne i represowalne, represja kataboliczna, źródła zmienności genetycznej, budowa i działanie genów eukariotycznych, sekwencjonowanie DNA, metoda Sangera, pirosekwencjonowanie, NGS, sekwencjonowania genomów, przygotowanie matryc, wektory do generowania bibliotek, składanie sekwencji, strategie sekwencjonowania genomu, pierwszy zsekwencjonowany genom, Human Genome Project, mapowanie genomu, genotypowanie.

Wykaz literatury

A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):

A.1.

1. Genomy, Brown T.A., PWN 2009
2. Podstawy Biologii Komórki, Alberts B. i inni, PWN 2009
3. Biochemia, Stryer L. PWN 1999 lub nowsze
4. Genetyka molekularna, red. Węgleński P., PWN 2008

A.2. studiowana samodzielnie przez studenta

-

B. Literatura uzupełniająca

1. Recombinant DNA. Genes and genomes a short course, Watson J.D., Cold Spring Harbour Laboratory Press 2007
2. Genes IX, Lewin B., Jones and Bartlett Publishers 2008

Kierunkowe efekty kształcenia

K_W05: operuje poszerzoną wiedzą w zakresie studiowanej specjalności;
K_U04: stosuje zdobytą wiedzę z chemii oraz pokrewnych dyscyplin naukowych;
K_K01: zna ograniczenia własnej wiedzy, rozumie konieczność dalszego kształcenia się i potrafi inspirować do tego inne osoby;

Wiedza

1. Student zna budowę i strukturę genomu
2. Student opisuje wymienione w sylabusie procesy dotyczące obróbki genów (replikacja, naprawa, rekombinacja, transkrypcja, translacja, regulacja ekspresji genów).
3. Student definiuje Prawa Mendla, kod genetyczny i jego znaczenie.
4. Student wymienia i opisuje różnice w budowie i działaniu genów prokariotycznych i eu-kariotycznych
5. Student wymienia i opisuje techniki sekwencjonowania DNA
6. Student opisuje możliwości i zalety nowoczesnych strategii sekwencjonowania genomów.

Umiejętności

Posiada umiejętności krytycznej oceny wyników przeprowadzonych eksperymentów, dokonanych obserwacji i/lub obliczeń teoretycznych.

Kompetencje społeczne (postawy)

1. Student dostrzega potrzebę dalszego kształcenia się.

- | | |
|--|---|
| | <ul style="list-style-type: none">2. Student zachowuje ostrożność i krytycyzm podczas wyrażania opinii dotyczących dziedziczenia.3. Student dostrzega zależność między obserwacją faktów przyrodniczych a możliwością definiowania uogólnionych prawd naukowych.4. Uświadamia sobie i docenia możliwości, stwarzane przez współczesną genetykę molekularną. |
|--|---|

Kontakt
piotr.skowron@ug.edu.pl