



**POLITECHNIKA
BYDGOSKA**

Wydział Rolnictwa i Biotechnologii

Karta przedmiotu Genomika i proteomika roślin

1. Informacje podstawowe

Kierunek studiów biotechnologia Specjalność: diagnostyka molekularna Jednostka zarządzająca kierunkiem studiów Wydział Rolnictwa i Biotechnologii Poziom studiów drugiego stopnia (mgr inż.) Profil studiów Profil ogólnoakademicki Forma studiów studia stacjonarne		Cykl kształcenia (nabór) 2024/25 Kod przedmiotu 04BIODMS.DI2D.2656.24 Języki wykładowe polski Obligatoryjność Obowiązkowy Blok zajęciowy Przedmioty specjalnościowe	
Wymagania wstępne	brak wymagań		
Przedmioty wprowadzające	brak przedmiotów wprowadzających		
Koordynator	Monika Rewers, Iwona Jędrzejczyk		
Okres Semestr 2	Forma zaliczenia Egzamin Forma prowadzenia i godziny zajęć Wykład: 15 Ćwiczenia laboratoryjne: 30		Liczba punktów ECTS 3.0

2. Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Opis efektów uczenia się	Odniesienie do kierunkowych efektów uczenia się	Odniesienie do charakterystyk PRK
-----	--------------------------	---	-----------------------------------

Kod	Opis efektów uczenia się	Odniesienie do kierunkowych efektów uczenia się	Odniesienie do charakterystyk PRK
Wiedza:			
W1	Posiada wiedzę na temat metod poznania i zrozumienia genomu, transkryptomu, proteomu i metabolomu roślin.	BIO_O2_K_W02, BIO_O2_K_W07	P7S_WG, P7S_WG_inż, P7S_WG P7S_WG_inż
W2	Ma specjalistyczną wiedzę w zakresie baz danych sekwencji nukleotydowych i białkowych.	BIO_O2_K_W08	P7S_WG P7S_WG_inż
Umiejętności:			
U1	Posiada umiejętność wyszukiwania, zrozumienia i analizy informacji pochodzących z baz danych sekwencji nukleotydowych i białkowych. Potrafi porównywać sekwencje, analizować i interpretować uzyskane wyniki.	BIO_O2_K_U01	P7S_UW
U2	Potrafi zastosować narzędzia bioinformatyczne w celu optymalizacji prac biotechnologicznych.	BIO_O2_K_U03	P7S_UW P7S_UW_inż
Kompetencje społeczne:			
K1	Prawidłowo identyfikuje i rozstrzyga problemy podczas pracy samodzielnej i w zespole.	BIO_O2_K_K02, BIO_O2_K_K04	P7S_KR, P7S_KR

3. Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Formy zajęć	Efekty uczenia się dla przedmiotu
1.	Mapowanie genomów, mapy fizyczne, cytogenetyczne, restrykcyjne, optyczne, genetyczne, porównawcze i zintegrowane. Metody i strategie sekwencjonowania genomów. Analiza sekwencji genomów, genomika funkcjonalna i porównawcza. Techniki badania RNA. Ustalanie funkcji genów. Proteomika. Platformy wykorzystywane w edycji genomu. Wykorzystanie AI w genomice i proteomice.	Wykład	W1, W2
2.	Wyszukiwanie informacji w bazach nukleotydowych i białkowych. Analiza restrykcyjna in silico. Analiza sekwencji DNA (wyszukiwanie genów, promotorów, miejsc splicingu, wysp CG, znajdowanie potencjalnych miejsc wiązania czynników transkrypcyjnych). Projektowanie reakcji z wykorzystaniem systemu CRISPR/Cas9. Analiza sekwencji białek. Porównanie sekwencji białek. Analiza filogenetyczna. Wizualizacja molekularna za pomocą PyMol.	Ćwiczenia laboratoryjne	W1, W2, U1, U2, K1

4. Metody prowadzenia zajęć, weryfikacji efektów uczenia się i warunki zaliczenia

Forma zajęć	
-------------	--

Wykład	Metody prowadzenia zajęć:	
	Wykład	
	Metody (sposoby) weryfikacji:	Udział:
	Egzamin pisemny	100%
	Warunki zaliczenia przedmiotu:	
	Uzyskanie co najmniej 51% punktów potwierdzających osiągnięcie każdego z efektów uczenia.	
Ćwiczenia laboratoryjne	Metody prowadzenia zajęć:	
	Ćwiczenia laboratoryjne	
	Metody (sposoby) weryfikacji:	Udział:
	Zaliczenie pisemne	80%
	Prezentacja	20%
	Warunki zaliczenia przedmiotu:	
	Dwa zaliczenia pisemne w ciągu semestru, prezentacja multimedialna w grupach na temat wskazany przez prowadzącego. Uzyskanie co najmniej 51% punktów potwierdzających osiągnięcie każdego z efektów uczenia.	

Efekt uczenia się dla przedmiotu	Metody (sposoby) weryfikacji		
	Egzamin pisemny	Zaliczenie pisemne	Prezentacja
W1	x	x	x
W2	x	x	x
U1		x	x
U2		x	x
K1			x

5. Literatura

Literatura podstawowa

1. Brown T. A., 2009. Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa
2. Higgs P. G., Attwood T. K., 2008. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa

Literatura uzupełniająca

1. Baxevanis A.D., Ouellette B.F.F., 2005 Bioinformatyka. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa
2. Primrose S.B., 1999. Zasady analizy genomu. WNT, Warszawa

6. Nakład pracy studenta - bilans godzin i punktów ECTS

Aktywność studenta		Obciążenie studenta Liczba godzin
Zajęcia prowadzone z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego lub innych osób prowadzących zajęcia	Wykład	15
	Ćwiczenia laboratoryjne	30
Praca własna studenta	Przygotowanie prezentacji multimedialnej	10
	Przygotowanie do egzaminu	15
	Przygotowanie do zaliczenia	10
	Konsultacje	5
Łączny nakład pracy studenta		85
Liczba punktów ECTS		3

* Godzina (dydaktyczna) oznacza 45 minut