



KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY



Nazwa przedmiotu		Kod ECTS						
Techniki sekwencjonowania		13.1.0126						
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot								
Katedra Mikrobiologii								
Studia								
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia					
Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki	Bioinformatyka	forma	stacjonarne					
		moduł	Podstawowa					
		specjalnościowy	Podstawowa					
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)								
prof. dr hab. Tadeusz Kaczorowski								
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin					Liczba punktów ECTS			
Formy zajęć					2 Przedmiot w wymiarze 15h wykładu			
Wykład								
Sposób realizacji zajęć								
zajęcia w sali dydaktycznej								
Liczba godzin								
Wykład: 15 godz.								
Cykl dydaktyczny								
2016/2017 letni								
Status przedmiotu				Język wykładowy				
obowiązkowy				polski				
Metody dydaktyczne				Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne				
- praca własna - przygotowanie się do zaliczenia - wykład				Sposób zaliczenia				
				Zaliczenie na ocenę				
				Formy zaliczenia				
				kolokwium				
				Podstawowe kryteria oceny				
				Zaliczenie obejmuje materiał z wykładu oraz treści przyswojone przez studenta poprzez studiowanie wybranych zagadnień.				
Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia								
zakładany efekt kształcenia	Kolokwium	mtd. dydakt 2	mtd. dydakt 3	mtd. dydakt 4	mtd. dydakt 5	mtd. dydakt 6	mtd. dydakt 7	mtd. dydakt 8
	Wiedza							
K_W08	+							
	Umiejętności							
K_U01	+							
K_U03	+							
K_U09	+							
Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi								
A. Wymagania formalne								
B. Wymagania wstępne								
Student powinien mieć za sobą zajęcia z biochemii.								
Cele kształcenia								

Poznanie technik sekwencjonowania kwasów nukleinowych i białek do aplikacji praktycznych.	
Treści programowe	
Reakcja łańcuchowa polimerazy (PCR). Zasady i techniki sekwencjonowania DNA i RNA i białek. Struktura genomów; mapowanie genomów technikami fizycznymi; mapowanie genomów technikami genetycznymi. Strategie sekwencjonowania genomów i proteomów; analiza danych sekwencyjnych; konstrukcja map metabolicznych; znajdowanie genów w dużych genomach; regulacja aktywności genomu; molekularne podstawy ewolucji genomów; dynamika genomów; Analiza przepływu genów pomiędzy genomami; analiza profili transkrypcyjnych genomów.	
Wykaz literatury	
Wykaz literatury podstawowej: Brown, T.A.: Genomy 3, PWN 2009 Primrose, S.B.: Zasady analizy genomu, Wyd. Nauk. Techn. 1999 i uzupełniającej: Najnowsze artykuły przeglądowe	
Efekty kształcenia (obszarowe i kierunkowe)	Wiedza
	Umiejętności
	Kompetencje społeczne (postawy)
K_W08 ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w naukach ścisłych i przyrodniczych	Student zna podstawy metodologiczne sekwencjonowania kwasów nukleinowych i białek. Orientuje się w strategiach sekwencjonowania stosowanych w przypadku analizy genomowego DNA.
K_U01 potrafi zastosować wiedzę matematyczną i informatyczną do formułowania, analizowania i rozwiązywania prostych zadań związanych z bioinformatyką	Student potrafi: Samodzielnie wyszukuje i korzysta z dostępnych źródeł informacji naukowej. Wykorzystywać literaturę naukową z zakresu biotechnologii opublikowaną w języku polskim.
K_U03 potrafi pracować indywidualnie i w zespole oraz wykonywać proste pomiary biologiczne, chemiczne i fizyczne	Krytycznie konfrontować informacje naukowe pochodzące z różnych źródeł i na tej podstawie wyciągać uzasadnione wnioski.
K_U09 stosuje wybrane techniki i narzędzia badawcze z dziedzin nauk przyrodniczych i ścisłych	
Kontakt	
kaczorow@biotech.ug.gda.pl	