



**KAPITAŁ LUDZKI**  
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez  
Unię Europejską w ramach  
Europejskiego Funduszu  
Społecznego

**UNIA EUROPEJSKA**  
EUROPEJSKI  
FUNDUSZ SPOŁECZNY



<b>Nazwa przedmiotu</b>		<b>Kod ECTS</b>						
Techniki sekwencjonowania		13.1.0126						
<b>Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot</b>								
Katedra Mikrobiologii								
<b>Studia</b>								
<b>wydział</b>	<b>kierunek</b>	<b>poziom</b>	<b>pierwszego stopnia</b>					
Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki	Bioinformatyka	<b>forma</b>	stacjonarne					
		<b>moduł</b>	Podstawowa					
		<b>specjalnościowy</b>	Podstawowa					
<b>specjalizacja</b>								
<b>Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)</b>								
prof. dr hab. Tadeusz Kaczorowski								
<b>Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin</b>					<b>Liczba punktów ECTS</b>			
<b>Formy zajęć</b>					2 Przedmiot w wymiarze 15h wykładu			
Wykład								
<b>Sposób realizacji zajęć</b>								
zajęcia w sali dydaktycznej								
<b>Liczba godzin</b>								
Wykład: 15 godz.								
<b>Cykl dydaktyczny</b>								
2017/2018 letni								
<b>Status przedmiotu</b>				<b>Język wykładowy</b>				
obowiązkowy				polski				
<b>Metody dydaktyczne</b>				<b>Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne</b>				
praca własna - przygotowanie się do zaliczenia				<b>Sposób zaliczenia</b>				
				Zaliczenie na ocenę				
				<b>Formy zaliczenia</b>				
				kolokwium				
				<b>Podstawowe kryteria oceny</b>				
				Zaliczenie obejmuje materiał z wykładu oraz treści przyswojone przez studenta poprzez studiowanie wybranych zagadnień.				
<b>Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia</b>								
<b>zakładany efekt kształcenia</b>	<b>Kolokwium</b>	<b>mtd. dydakt 2</b>	<b>mtd. dydakt 3</b>	<b>mtd. dydakt 4</b>	<b>mtd. dydakt 5</b>	<b>mtd. dydakt 6</b>	<b>mtd. dydakt 7</b>	<b>mtd. dydakt 8</b>
	Wiedza							
K_W08	+							
	Umiejętności							
K_U01	+							
K_U03	+							
K_U09	+							
<b>Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi</b>								
A. Wymagania formalne								
B. Wymagania wstępne								
Student powinien mieć za sobą zajęcia z biochemii.								
<b>Cele kształcenia</b>								

Poznanie technik sekwencjonowania kwasów nukleinowych i białek do aplikacji praktycznych.	
<b>Treści programowe</b>	
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.	
<b>Wykaz literatury</b>	
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	
<b>Efekty kształcenia (obszarowe i kierunkowe)</b>	<b>Wiedza</b>
	<b>Umiejętności</b>
	<b>Kompetencje społeczne (postawy)</b>
<p>K_W08 ma wiedzę zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w naukach ścisłych i przyrodniczych</p> <p>K_U01 potrafi zastosować wiedzę matematyczną i informatyczną do formułowania, analizowania i rozwiązywania prostych zadań związanych z bioinformatyką</p> <p>K_U03 potrafi pracować indywidualnie i w zespole oraz wykonywać proste pomiary biologiczne, chemiczne i fizyczne</p> <p>K_U09 stosuje wybrane techniki i narzędzia badawcze z dziedzin nauk przyrodniczych i ścisłych</p>	
<b>Kontakt</b>	
kaczorow@biotech.ug.gda.pl	