|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć:  | Wprowadzenie do epigenetyki  | ECTS | 4 |
| Nazwa zajęć w j. angielskim: | Introduction into Epigenetics |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | Bioinżynieria zwierząt |
|  |  |
| Język wykładowy: | polski | Poziom studiów: | I |
| Forma studiów:  | ⌧ stacjonarne🞎 niestacjonarne | Status zajęć: | 🞎 podstawowe🞎 kierunkowe |  🞎obowiązkowe ⌧ do wyboru | Numer semestru: 6 | 🞎semestr zimowy🞎⌧semestr letni  |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik): |  | Numer katalogowy: | WNZ-BW-1S-06L-06.7\_19 |
|  |
| Koordynator zajęć: | Patryk Krzeminski |
| Prowadzący zajęcia: | Patryk Krzeminski |
| Jednostka realizująca: | Katedra Nanobiotechnologii |
| Jednostka zlecająca: | Wydział Hodowli, Bioinżynierii i Ochrony Zwierząt |
| Założenia, cele i opis zajęć: | Celem przedmiotu jest nabycie podstawowej wiedzy z zakresu epigenetyki, obejmującej, metylację DNA i wybrane modyfikacje histonówCharakterystyka metylacji DNA, lokalizacja, wpływ na ekspresje genów. Charakterystyka wybranych modyfikacji histonów wpływ na ekspresje genów, oddziaływanie metylacji DNA i modyfikacji histonów. Sposoby pomiaru ogólnej metylacji DNA Poznanie mechanizmów molekularnych odpowiedzianych za metylację i demetylacje DNA. Poznanie mechanizmów molekularnych odpowiedzianych za modyfikacje histonów.Ogólne zastosowanie badań metylacji DNA w nauce, biotechnologii, bioinżynierii i medycynie. Opanowanie podstawowych technik takich jak MSP-PCR, COBRA, HDR stosowanych do badania metylacji DNA. Opanowanie podstawowych technik stosowanych do badania modyfikacji Histonów. Sposoby przygotowywania materiału badawczego do badania metylacji DNA i modyfikacji histonów, izolacja DNA, kolumienki, wysalanie, utrwalanie komórek, znakowanie przeciwciałami, konwersja DNA wodorosiarczanem sodu, ocena stopnia konwersji DNA. |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | W – wykład, liczba godzin 15 LC - ćwiczenia laboratoryjne, liczba godzin 30  |
| Metody dydaktyczne: | Wykład, ćwiczenia laboratoryjne, studium przypadku, projekt doświadczenia |
| Wymagania formalne i założenia wstępne: | Zaliczony przedmiot Biologia komórki, genetyka |
| Efekty uczenia się: | Wiedza:W1 - Posiada informacje z zakresu podstawowych modyfikacji epigenetycznychW2- Rozumie wpływ metylacji DNA na ekspresje genówW3 - Zna podstawowe metody badan metylacji DNA i analizy modyfikacji histonów | Umiejętności:U1 – Potrafi zaprojektować, wykonać i zinterpretować proste doświadczenie sprawdzające stan metylacji DNA określonej sekwencji w genomie pod kierunkiem opiekuna naukowegoU2 - Potrafi zaprojektować, wykonać i zinterpretować proste doświadczenie sprawdzające stan metylacji DNA określonej sekwencji w genomie pod kierunkiem opiekuna naukowegoU3- Potrafi pozyskiwać i zabezpieczać materiał biologiczny (DNA) w celu wykonania doświadczeń sprawdzających stopień metylacji DNA | Kompetencje:K1 - Rozumie potrzebę ciągłego dokształcania się, aktualne trendy w epigenetyceK2 - Potrafi współpracować w zespole jako jego członek, lider grupy.K3 - Potrafi zidentyfikować problemy związane z badaniami epigentycznymi |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | Kolokwium-test – K\_U01 K\_U01, K\_U02, K\_U03, K\_W0; K\_W02; K\_W03,Pisemna praca zaliczeniowa – K\_W01, K\_W02, K\_W03, K\_K1, K\_K2, K\_K3 |
| Forma dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się: | Prezentacje Power Point, pisemna praca zaliczeniowa |
| Elementy i wagi mające wpływna ocenę końcową: | Kolokwia – 50%;Pisemna praca zaliczeniowa – 50%; |
| Miejsce realizacji zajęć: | Sala wykładowa, laboratoria, zajęcia online |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca:1. Hodowla komórek i tkanek, red. S. Stokłosowa, wyd. PWN, Warszawa 2011 lub inne wydanie2. artykuły dostępne w bazie PubMed |
| UWAGIinne godziny kontaktowe nie ujęte w pensum (konsultacje i egzamin), liczba godzin 12 |

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot:

|  |  |
| --- | --- |
| Szacunkowa sumaryczna liczba godzin pracy studenta (kontaktowych i pracy własnej) niezbędna dla osiągnięcia zakładanych dla zajęć efektów uczenia się - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS: | **110 h** |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | **2,4 ECTS** |

Tabela zgodności kierunkowych efektów uczenia się z efektami przedmiotu:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| kategoria efektu | Efekty uczenia się dla zajęć: | Odniesienie do efektów dla programu studiów dla kierunku | Oddziaływanie zajęć na efekt kierunkowy\*) |
| Wiedza\_W1 | Posiada informacje z zakresu podstawowych modyfikacji epigenetycznych | K\_W01 | 2 |
| Wiedza\_W2 | Rozumie wpływ metylacji DNA na ekspresje genów | K\_W04 | 2 |
| Wiedza\_W3 | Zna podstawowe metody badan metylacji DNA i analizy modyfikacji histonów | K\_W04 | 2 |
| Umiejętności\_U1 | Potrafi zaprojektować, wykonać i zinterpretować proste doświadczenie sprawdzające stan metylacji DNA określonej sekwencji w genomie pod kierunkiem opiekuna naukowego | K\_U04 | 2 |
| Umiejętnościu\_U2 | Potrafi zaprojektować, wykonać i zinterpretować proste doświadczenie sprawdzające stan metylacji DNA określonej sekwencji w genomie pod kierunkiem opiekuna naukowego | K\_U16 | 2 |
| Umiejętności\_U3 | Potrafi pozyskiwać i zabezpieczać materiał biologiczny (DNA) w celu wykonania doświadczeń sprawdzających stopień metylacji DNA | K\_U10 | 2 |
| Kompetencje\_K1 | Rozumie potrzebę ciągłego dokształcania się, aktualne trendy w epigenetyce | K\_K01 | 2 |
| Kompetencje\_K2 | Potrafi współpracować w zespole jako jego członek, lider grupy. | K\_K03 | 2 |
| Kompetencje\_K3 | Potrafi zidentyfikować problemy związane z badaniami epigentycznymi | K\_K05 | 2 |

\*)

3 – zaawansowany i szczegółowy,

2 – znaczący,

1 – podstawowy,