Opis **zajęć (sylabus)**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć:  | Diagnostyka Genetyczna | **ECTS** | **5** |
| Nazwa zajęć w j. angielskim: | Genetic diagnostics |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | Zootechnika  |
|  |  |
| Język wykładowy: |  | Poziom studiów: |  |
| Forma studiów:  | 🞎 stacjonarne⌧ niestacjonarne | Status zajęć: | ⌧ podstawowe🞎 kierunkowe | ⌧ obowiązkowe 🞎 do wyboru | Numer semestru: 2 | 🞎 semestr zimowy⌧ semestr letni  |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik): | 2023/2024 | Numer katalogowy: | WHBIOZ-ZT-2Z-02L-01\_21 |
|  |
| Koordynator zajęć: | **Dr hab. Joanna Gruszczyńska, prof. SGGW** |
| Prowadzący zajęcia: | Dr hab. Joanna Gruszczyńska, prof.SGGW, dr Marta Gajewska, mgr Jundziłł-Bogusiewicz Paulina, mgr Marta Kloch |
| Założenia, cele i opis zajęć: | Cele przedmiotu: Przedstawienie metod diagnostyki molekularnej i cytogenetycznej zwierząt i praktyczne przygotowanie studentów do stosowania wszystkich omawianych metod analizy polimorfizmu DNA. Zapoznanie studentów z podstawami filogenetyki molekularnej i bioinformatyki.Opis zajęć: Cytogenetyka klasyczna i molekularna - podstawowe techniki barwienia chromosomów do analiz, analiza aberracji chromosomowych, wymiana chromatyd siostrzanych, test kometowy, hybrydyzacja FISH. Pojęcie genomu, rodzaje genomów, mapowanie i sekwencjonowanie genomu. Rodzaje genów i ich znaczenie ewolucyjne i hodowlane. Enzymy stosowane w genetyce molekularnej. Metody izolacji DNA z różnych tkanek zwierzęcych. Polimorfizm DNA – rodzaje polimorfizmu DNA, metody identyfikacji (PCR, hybrydyzacja i ich odmiany). Wykorzystanie polimorfizmu DNA w: kontroli pochodzenia, identyfikacji osobniczej, gatunkowej, badaniu śladów biologicznych, szacowaniu zmienności genetycznej w obrębie populacji i między populacjami, identyfikacji płci genetycznej, diagnostyce chorób dziedzicznych i infekcyjnych, poszukiwaniu genów „ważnych”. Konstruowanie i wykorzystanie drzew filogenetycznych; zastosowanie filogenetyki molekularnej. Praktyczne wykorzystanie wybranych programów komputerowych do przygotowania analiz polimofizmu DNA i interpretacji uzyskanych wyników. |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | 1. Wykłady; liczba godzin 16;
2. Ćwiczenia; liczba godzin 16;
 |
| Metody dydaktyczne: | Przekaz przy pomocy prezentacji multimedialnych; doświadczenie; konsultacje |
| Wymagania formalne i założenia wstępne: | Wiadomości z genetyki i biochemii |
| Efekty uczenia się: | treść efektu przypisanego do zajęć: | Odniesienie do efektu. kierunkowego | Siła dla  ef. kier\* |
| Wiedza: (absolwent zna i rozumie) | W1 | potrzebę poznania specyfiki genomu różnych gatunków oraz możliwości wykorzystania w hodowli zwierząt | K\_W05 | 3 |
| W2 | znaczenie metod izolacji DNA i identyfikacji polimorfizmu DNA | K\_W02 | 3 |
| Umiejętności: (absolwent potrafi) | U1 | wykorzystać polimorfizm DNA w kontroli pochodzenia, identyfikacji osobniczej, gatunkowej, badaniu śladów biologicznych, szacowaniu zmienności genetycznej w obrębie populacji i między populacjami, identyfikacji płci genetycznej, diagnostyce chorób dziedzicznych i infekcyjnych, poszukiwaniu genów „ważnych” | K\_U04 | 3 |
| U2 | wyjaśnić zasady analizy filogenetycznej  | K\_U02 | 3 |
| Kompetencje: (absolwent jest gotów do) | K1 | uznawania znaczenia wiedzy w życiu zawodowym | K\_K01 | 2 |
| K2 |  |  |  |
| Treści programowe zapewniające uzyskanie efektów uczenia się: | Cytogenetyka klasyczna i molekularna - techniki barwienia chromosomów do analiz, analiza aberracji chromosomowych, wymiana chromatyd siostrzanych, test kometowy, hybrydyzacja FISH. Pojęcie genomu, rodzaje genomów, mapowanie i sekwencjonowanie genomu. Rodzaje genów i ich znaczenie ewolucyjne i hodowlane. Enzymy stosowane w genetyce molekularnej. Metody izolacji DNA z różnych tkanek zwierzęcych. Polimorfizm DNA – rodzaje polimorfizmu DNA, metody identyfikacji (PCR, hybrydyzacja i ich odmiany). Wykorzystanie polimorfizmu DNA w: kontroli pochodzenia, identyfikacji osobniczej, gatunkowej, badaniu śladów biologicznych, szacowaniu zmienności genetycznej w obrębie populacji i między populacjami, identyfikacji płci genetycznej, diagnostyce chorób dziedzicznych i infekcyjnych, poszukiwaniu genów „ważnych”. Konstruowanie i wykorzystanie drzew filogenetycznych; zastosowanie filogenetyki molekularnej. Praktyczne wykorzystanie wybranych programów komputerowych do przygotowania analiz polimofizmu DNA i interpretacji uzyskanych wyników. |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | W1, W2 – egzaminU1, U2, K2 - kolokwium |
| Szczegóły dotyczące sposobów weryfikacji i form dokumentacji osiąganych efektów uczenia się : | Treść pytań zaliczenia ćwiczeń i egzaminacyjnych z oceną, prace projektowe, karta ocen. |
| Elementy i wagi mające wpływna ocenę końcową: | Egzamin pisemny - 50%, test z ćwiczeń - 40%, studium przypadku (prezentacja w ppt) -10% |
| Miejsce realizacji zajęć: | Sala dydaktyczna, laboratorium genetyki molekularnej, sala komputerowa, on line z wykorzystaniem platform internetowych np. MsTeams, ZOOM |
| Literatura podstawowa i uzupełniająca:1. Genetyka molekularna. Praca zbiorowa pod redakcją P. Węgleńskiego, PWN 20062. Wybrane techniki i metody analizy DNA. Nowak Z., Gruszczyńska J., Wydawnictwo SGGW 2007.3. Biologia molekularna. Turner P.C. i wsp., PWN 2000 i następne.4. Materiały rozdawane studentom przez prowadzącego. Uzupełniająca1. Genomy – T.A. Brown ( w tłumaczeniu pod red. P. Węgleńskiego), PWN 20012. Genetyka i genomika zwierząt – K.M. Charon, M. Świtoński, Wydawnictwo Naukowe PWN Warszawa 20123. Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Avise J. WUW 20084. Biologia molekularna w medycynie. Bal J. PWN 2008 |
| UWAGI |

\*) 3 – zaawansowany i szczegółowy, 2 – znaczący, 1 – podstawowy,

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: |  125 h |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | 1,25 ECTS |