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 – egzamin  U1, 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 wpływ  na 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 2006  2. 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.  Uzupełniająca  1. Genomy – T.A. Brown ( w tłumaczeniu pod red. P. Węgleńskiego), PWN 2001  2. Genetyka i genomika zwierząt – K.M. Charon, M. Świtoński, Wydawnictwo Naukowe PWN Warszawa 2012  3. Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Avise J. WUW 2008  4. 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 |