

KARTA PRZEDMIOTU (SYLABUS)¹
OPIS PRZEDMIOTU

Kod przedmiotu		Nazwa przedmiotu	Biologia molekularna	
0912/UTH/WNMinOZ/ST-NST/B4			Molecular biology	
Język wykładowy		Polski		
Rok akademicki		2021/2022		
Kierunek w zakresie		Lekarski		
Poziom studiów		Studia jednolite magisterskie		
Profil studiów		Ogólnoakademicki		
Forma studiów		Stacjonarne/Niestacjonarne		
Semestr/ semestry		IV letni		
Przynależność do grupy zajęć		Moduł B: Naukowe podstawy medycyny		
Status przedmiotu		Obowiązkowy		
Formy realizacji zajęć dydaktycznych, wymiar, punkty ECTS		Forma zajęć	Liczba godzin zajęć dydaktycznych	Liczba punktów ECTS
		Wykład	15 h	1 ECTS
Powiązanie przedmiotu	z profilem studiów ²	Przedmiot związany z prowadzoną w Uczelni działalnością naukową i uwzględnia udział studentów w zajęciach przygotowujących do prowadzenia działalności naukowej w zakresie genomiki, transkryptomiki i proteomiki gatunków modelowych i człowieka.		1 ECTS (15 h)
	z dyscypliną ³	Nauki biologiczne w zakresie naukowych podstaw medycyny i diagnostyki molekularnej.		1 ECTS
Forma nauczania ⁴		Tradycyjna: zajęcia w siedzibie Uczelni		
Wymagania wstępne		Realizacja efektów kształcenia w zakresie wiedzy, umiejętności, kompetencji społecznych z poprzednich semestrów studiów, w tym biologii medycznej, chemii oraz informatyki i statystyki.		
Jednostka prowadząca		Wydział Nauk Medycznych i Nauk o Zdrowiu		
Koordynator		Kornelia Polok, dr n. biol.		
Adres strony internetowej pjo		https://wnminoz.uniwersytetradom.pl/		
Adres e-mail, telefon koordynatora		k.polok@uthrad.pl		

EFEKTY UCZENIA SIĘ, TREŚCI PROGRAMOWE, REALIZACJA ZAJĘĆ DYDAKTYCZNYCH, WERYFIKACJA EFEKTÓW UCZENIA SIĘ

Cel kształcenia:	<ol style="list-style-type: none"> 1. Przekazanie wiedzy z zakresu procesów genetycznych będących podstawą współczesnej diagnostyki molekularnej. 2. Przekazanie wiedzy z zakresu nowoczesnych technik molekularnych oraz zasad ich stosowania w diagnostyce z uwzględnieniem kosztów, wiarygodności i dostępności metod alternatywnych. 3. Nabycie umiejętności planowania doświadczeń z zastosowaniem metaanaliz molekularnych.. 4. Zrozumie aspektów etycznych związanych z analizami molekularnymi.
Treści programowe. Wykłady⁵	<p>Wykłady: 15 h prowadzonych jako sześć wykładów po 2 h oraz ostatni wykład - 3 h.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Replikacja DNA. Zasady replikacji in vivo. Reakcja PCR. 2. Transkrypcja i transkryptomika. 3. Translacja i proteomika. Struktura białek. 4. Markery genetyczne. Metody diagnostyczne wykorzystujące replikację. Polimorfizm DNA i białek. Elektroforeza kwasów nukleinowych i białek. 5. Sekwencjonowanie kwasów nukleinowych. Biblioteki i wektory. Next generation WGS. 6. Mutageniza i naprawa DNA. 7. Metody bioinformatyczne i biomatematyczne w biologii molekularnej. Modelowanie białek. Biologia syntetyczna. <p>Wykłady dostępne są na stronie https://www.matgen.pl</p> <p>Treści wykładów są bezpośrednio związane z działalnością naukową, podane przykłady są autorskie, studenci przygotowują się do działalności naukowej poprzez analizę podejść metodycznych.</p>
Metody dydaktyczne:⁶	<ol style="list-style-type: none"> 1. Wykład z wykorzystaniem technik multimedialnych oraz z elementami dyskusji. 2. Praca samodzielna z wykorzystaniem internetowych baz danych i materiałów on line: <ul style="list-style-type: none"> • samodzielne rozwiązywanie wybranych problemów na podstawie materiałów zamieszczanych on line; • samodzielna analiza wyników doświadczeń własnych i interpretacja uzyskanych danych, • samodzielne projektowanie reakcji molekularnych.
Rygor zaliczenia, kryteria oceny osiągniętych efektów uczenia się:	<p>Warunkiem zaliczenia przedmiotu jest osiągnięcie wszystkich wymaganych dla przedmiotu efektów uczenia się. Uzyskanie pozytywnych ocen ze wszystkich form zajęć wchodzących w skład przedmiotu jest równoznaczne z jego zaliczeniem i zdobyciem przez studenta przyporządkowanej przedmiotowi liczby punktów ECTS.</p> <p>W celu uzyskania oceny pozytywnej z przedmiotu należy uzyskać 42 punkty na 60 punktów możliwych do zdobycia. Punktowane są:</p> <ul style="list-style-type: none"> • kolokwium zaliczeniowe (40 punktów); • samodzielne, dobrowolne rozwiązywanie zadań z protokołów umieszczonych na stronie https://www.matgen.pl. (2-5 punktów). <p>Maksymalnie można uzyskać 20 punktów za aktywność (33,3%) oraz 40 punktów za kolokwium (67,7%).</p> <p>Kolokwium składa się z pytań utworzonych na podstawie zagadnień podanych na końcu każdego wykładu. Punktacja jest podana przy każdym pytaniu. Łączna punktacja za kolokwium wynosi 40 punktów. Nie przewiduje się punktów ujemnych.</p> <p>Pytania na kolokwium mają formę:</p> <ul style="list-style-type: none"> • testu jednokrotnego wyboru, • testu tak/nie lub prawda/fałsz • zadań otwartych, w tym zadań obliczeniowych, • zadań krótkie odpowiedzi, • zadań z luką. <p>Kolokwium może być przeprowadzone z wykorzystaniem platform do generowania i przeprowadzania testów, MS Forms, Moodle, Kahoot itp.</p> <p>W przypadku zajęć prowadzonych zdalnie (sytuacje wyjątkowe) warunkiem zaliczenia każdego wykładu jest wykonanie zadań dedykowanych danemu wykładowi i dostarczonych w wyznaczonym terminie. Zadania po terminie nie będą uznawane. Kolokwium przeprowadzane zdalnie może mieć formę testu przeprowadzanego w czasie rzeczywistym lub formę zagadnień, które należy opracować w określonym terminie. Możliwy jest wariant mieszany.</p> <p>Aktualna punktacja oraz wyniki kolokwium są udostępniane na stronie https://www.matgen.pl</p>
Sposób obliczania oceny końcowej:	<p>Sposób obliczenia oceny końcowej z przedmiotu określony został w Regulaminie studiów.</p> <p>Zaliczenie (liczba punktów, ocena):</p> <ul style="list-style-type: none"> • 42-46: 3,0 (dostateczny) • 47-51: 3,5 (dostateczny plus) • 52-55: 4,0 (dobry) • 56-58: 4,5 (dobry plus) • 59-60: 5,0 (bardzo dobry)

Efekty uczenia się dla przedmiotu w odniesieniu do efektów kierunkowych i formy zajęć ⁷				Metody weryfikacji efektów uczenia się	
Numer efektu uczenia się	Opis efektów uczenia się dla przedmiotu (PEU) Student, który zaliczył przedmiot (W) zna i rozumie/ (U) potrafi /(K) jest gotów do:	Kierunkowy efekt uczenia się (KEU) i stopień osiągnięcia	Forma zajęć	Forma weryfikacji (zaliczeń)	Metody sprawdzania i oceny
W1	<i>Zna naturalne i sztuczne źródła promieniowania jonizującego, jego działanie mutagenne oraz mechanizmy ochrony genomu przed uszkodzeniami.</i>	<i>B.W6 +++</i>	<i>Wykład 6</i>	<i>Zaliczenie Praca domowa</i>	<i>Test, identyfikacja mutacji punktowych, ocena częstości.</i>
W2	<i>Zna struktury I-, II-, III- i IV-rzędową białek oraz metody modelowania białek na podstawie sekwencji, zna modyfikacje potranslacyjne i funkcjonalne białka oraz ich znaczenie, a także programy do analizy modyfikacji.</i>	<i>B.W12 +++</i>	<i>Wykład 3 Wykład 7</i>	<i>Zaliczenie Praca domowa</i>	<i>Test, posługiwanie się bazą ExPaSy w celu analizy domen oraz modelowanie modyfikacji potranslacyjnych.</i>
W3	<i>Zna funkcje genomu, transkryptomu i proteomu człowieka oraz podstawowe metody stosowane w ich badaniu, procesy replikacji, naprawy i rekombinacji DNA, transkrypcji i translacji oraz degradacji DNA, RNA i białek, a także koncepcje regulacji ekspresji genów.</i>	<i>B.W14 +++</i>	<i>Wykład 1 Wykład 2 Wykład 3 Wykład 5 Wykład 6</i>	<i>Zaliczenie Praca domowa</i>	<i>Test, projektowanie reakcji PCR, odczytywanie ORF, interpretacja genetyczna wyników PCR.</i>
W4	<i>Zna molekularne mechanizmy uszkodzeń DNA oraz ich naprawy w trakcie replikacji oraz rekombinacji.</i>	<i>C.W4 +++</i>	<i>Wykład 6</i>	<i>Zaliczenie Praca domowa</i>	<i>Test, ocena częstości mutacji spontanicznych i indukowanych.</i>
U1	<i>Potrafi posługiwać się podstawowymi technikami laboratoryjnymi, takimi jak izolacja i elektroforeza białek i kwasów nukleinowych. Potrafi oceniać zawartość kwasów nukleinowych w próbce, interpretowania zymogramy i fluorogramy.</i>	<i>B.U8 ++</i>	<i>Wykład 4</i>	<i>Zaliczenie Praca domowa</i>	<i>Test, interpretacja genetyczna zymogramów, projektowanie starterów do reakcji PCR. Baza NCBI.</i>
U2	<i>Potrafi korzystać z biologicznych baz danych, w tym internetowych, i wyszukiwać potrzebne informacje oraz przeprowadzać analizy (alignment, modelowanie) za pomocą dostępnych narzędzi internetowych.</i>	<i>B.U10 ++</i>	<i>Wykład 5 Wykład 7</i>	<i>Zaliczenie, praca domowa</i>	<i>Test, porównywanie sekwencji DNA i białek za pomocą CLUSTAL i BLAST, poszukiwanie informacji w bazie PDB.</i>
U3	<i>Potrafi podejmować decyzje o potrzebie wykonania badań cytogenetycznych i testów molekularnych, w tym opartych o reakcję PCR. Potrafi interpretować wyniki testów PCR.</i>	<i>C.U3 +++</i>	<i>Wykład 2 Wykład 4 Wykład 5</i>	<i>Zaliczenie, praca domowa</i>	<i>Test, analiza danych molekularnych w bazie ENCODE i ExPasy.</i>
K1	<i>Jest gotowy do formułowania wniosków z obserwacji wyników analiz białek i kwasów nukleinowych i uwzględniać je w badaniach i praktyce lekarskiej.</i>	<i>K.K8</i>	<i>Wykład 1-7</i>	<i>Zaliczenie, praca domowa.</i>	<i>Analiza danych doświadczalnych i ich interpretacja przez studenta.</i>

Literatura i pomoce naukowe⁸

Literatura podstawowa

1. Bal J (red.). 2011. *Biologia molekularna w medycynie; elementy genetyki klinicznej*. Warszawa: PWN.
2. Pollock K. 2017. *From DNA sequence to biological meaning*. Gron: e-Gene. Dostęp: <https://zenodo.org/record/820140>.
3. Polok K. 2021. *Biologia molekularna. Internetowy kurs Biologii molekularnej dla studentów medycyny. Wykłady i zadania do samodzielnego rozwiązania*. e-Gene. Dostęp: <https://www.matgen.pl>
4. Węgleński P. 2020. *Genetyka molekularna*. wyd. 6. Warszawa: PWN.

Literatura uzupełniająca

1. Collins FS, Doudna JA, Lander ES, Rotimi CN. 2021. *Human molecular genetics and genomics — important advances and exciting possibilities*. NEJM 384:1-4. Dostęp: DOI: 10.1056/NEJMp2030694

Inne pomoce naukowe

1. Clustal Omega. 2021. *Multiple Sequence Alignment*. EMBL-EBI. Dostęp: <https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>
2. ENCODE. 2021. *ENCODE - Encyclopedia of DNA Elements [Database]*. Stanford University. Dostęp: <https://www.encodeproject.org/>
3. ExPaSy. 2021. *Bioinformatics Resource Portal. [Database]*. Swiss Institute of Bioinformatics. Dostęp: <https://www.expasy.org>
4. inBioDiscover. 2021. *Network biology [Database]*. Kongens Lyngby: intomics. Dostęp: https://inbio-discover.com/?gclid=EAIaIQobChMIsoeAt7Hl7wIVh7PtCh0-7gNqEAAAYAiAAEgKII_D_BwE
5. NCBI. 2021. *National Centre for Biotechnology Information. [Database]*. National Institute of Health. Dostęp: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>
6. PDB. 2021. *Protein data bank. [Database]* SanDiego: Rutgers. Dostęp: <https://www.rcsb.org/>

Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia zakładanych efektów uczenia się – bilans punktów ECTS

Udział w zajęciach, aktywność	Obciążenie studenta [h]		
	Inne godz. Kontaktowe (IGK)	Praca własna studenta: zajęcia bez nauczyciela (ZBN)	Zajęcia dydaktyczne
Udział w wykładach ⁹	-	-	15 h
Udział w konsultacjach	5 h	-	-
Przygotowanie się do wykładów/ćwiczeń/seminariów/ Przygotowanie do zaliczenia/egzaminu	-	10 h	-
Sumaryczne obciążenie pracą studenta	5 h/ 0,2 ECTS	10 h/ 0,3 ECTS	15 h/ 0,5 ECTS
Punkty ECTS za przedmiot	1 ECTS ¹⁰		

Informacje dodatkowe, uwagi

Wszystkie materiały do kursu, w tym wykłady, zadania dostępne są na licencji CC na stronie <https://www.matgen.pl>. Na stronie publikowane są także aktualności dotyczące kursu oraz studenci mają dostęp do bieżącej punktacji. Ponadto studenci mają dostęp do e-konsultacji oraz filmów dydaktycznych.