

Karta przedmiotu

Cz. 1

Informacje ogólne o przedmiocie		
1. Kierunek studiów: analityka medyczna	2. Poziom kształcenia: jednolite studia magisterskie	
	3. Forma studiów: stacjonarne	
4. Rok: IV	5. Semestr: VII	
6. Nazwa przedmiotu: EPIGENETYKA W DIAGNOSTYCE KLINICZNEJ		
7. Status przedmiotu: fakultet		
8. Treści programowe przedmiotu i przypisane do nich efekty uczenia się		
Zapoznanie się z mechanizmami regulacji ekspresji genów z udziałem czynników epigenetycznych. Zrozumienie zjawisk epigenetycznych i ich znaczenia w medycynie regeneracyjnej, personalizowanej, a także w diagnostyce molekularnej i w terapii nowotworów.		
Efekty uczenia się/odniesienie do efektów uczenia się zawartych w standardach		
w zakresie wiedzy student zna i rozumie: E.W6./E.W7./E.W8.		
w zakresie umiejętności student potrafi: E.U12/E.U13./E.U19.		
w zakresie kompetencji społecznych student jest gotów do: 1.3.1/1.3.6/1.3.7		
9. liczba godzin z przedmiotu		30
10. liczba punktów ECTS dla przedmiotu		2
11. Sposoby weryfikacji i oceny efektów uczenia się		
Efekty uczenia się	Sposoby weryfikacji	Sposoby oceny*
W zakresie wiedzy	Sprawdziany pisemne – pytania otwarte i zamknięte	*
W zakresie umiejętności	Obserwacja Sprawozdania	*
W zakresie kompetencji	Obserwacja	*

* zakłada się, że ocena oznacza na poziomie:

Bardzo dobry (5,0) - zakładane efekty uczenia się zostały osiągnięte i znacznym stopniu przekraczają wymagany poziom

Ponad dobry (4,5) - zakładane efekty uczenia się zostały osiągnięte i w niewielkim stopniu przekraczają wymagany poziom

Dobry (4,0) – zakładane efekty uczenia się zostały osiągnięte na wymaganym poziomie

Dość dobry (3,5) – zakładane efekty uczenia się zostały osiągnięte na średnim wymaganym poziomie

Dostateczny (3,0) - zakładane efekty uczenia się zostały osiągnięte na minimalnym wymaganym poziomie

Niedostateczny (2,0) – zakładane efekty uczenia się nie zostały uzyskane.

Karta przedmiotu

Cz. 2

Inne przydatne informacje o przedmiocie		
12. Jednostka realizująca przedmiot, adres, e-mail: Zakład Biologii Molekularnej Katedry Biologii Molekularnej, ul. Jedności 8, 41-200 Sosnowiec, tel. (0-32) 364 12 34, e-mail: biolmolfarm@sum.edu.pl, http://www.biolmol.sum.edu.pl		
13. Imię i nazwisko osoby odpowiedzialnej za realizację przedmiotu: Dr hab. Joanna Gola, jgola@sum.edu.pl		
14. Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i innych kompetencji: Wiedza: Student posiada wiedzę z zakresu biologii molekularnej oraz genetyki. Umiejętności: Potrafi interpretować wyniki badań uzyskanych technikami biologii molekularnej w podstawowym zakresie. Inne kompetencje: Potrafi pracować w zespole.		
15. Liczebność grup	Zgodna z uchwałą Senatu SUM	
16. Materiały do zajęć	zagadnienia do przygotowania, instrukcje do zadań, materiały źródłowe, e-learning	
17. Miejsce odbywania się zajęć	Sosnowiec, ul. Jedności 8	
18. Miejsce i godzina konsultacji	Sosnowiec, ul. Jedności 8, zgodnie z harmonogramem dostępnym na stronie Zakładu Biologii Molekularnej Katedry Biologii Molekularnej	
19. Efekty uczenia się		
Numer przedmiotowego efektu uczenia się	Przedmiotowe efekty uczenia się	Odniesienie do efektów uczenia się zawartych w standardach
P_W01	Potrafi przedstawić funkcjonowanie organizmów na poziomie molekularnym.	E.W6.
P_W02	Potrafi przedstawić złożone zasady przepływu informacji genetycznej oraz scharakteryzować mechanizmy regulacji ekspresji genów.	E.W7. E.W8.
P_U01	Zna i potrafi wykorzystywać techniki biologii molekularnej w badaniu epigenetycznej regulacji ekspresji genów.	E.U12. E.U19.
P_U02	Samodzielnie analizuje i interpretuje wyniki badań epigenetycznych.	E.U12. E.U13.
P_K01	Dostrzega własne ograniczenia, dokonuje samooceny deficytów i potrzeb edukacyjnych. Potrafi korzystać z obiektywnych źródeł informacji oraz formułować wnioski z pomiarów lub obserwacji.	1.3.1 1.3.6 1.3.7
20. Formy i tematy zajęć		Liczba godzin
21.1. Wykłady		15 (w e-learning)
Znaczenie epigenetyki w diagnostyce molekularnej i klinicznej.		2
Metylacja DNA i potranslacyjne modyfikacje białek histonowych jako mechanizmy regulacji ekspresji genów.		5
Genomowy imprinting i dziedziczenie epigenetyczne. Mechanizmy epigenetyczne w komórkach macierzystych.		3
Sekuencyjno – specyficzne regulowanie ekspresji genów przez cząsteczki siRNA i miRNA.		3
Diagnostyka i terapia chorób nowotworowych w oparciu o techniki detekcji zjawisk epigenetycznych.		2
22.2. Seminaria		15

Epigenetyka w erze „omik”.	3
Metody analizy zmian wzoru metylacji genów. Technika NGS w badaniach epigenomu.	3
Dynamika zmian wzoru metylacji DNA i jej znaczenie w diagnostyce molekularno-klinicznej.	3
Potencjał zjawiska interferencji RNA w diagnostyce i terapii chorób autoimmunologicznych i nowotworowych.	3
Modyfikacje białek histonowych jako nowe spojrzenie na diagnostykę i terapię molekularnie ukierunkowaną.	3
23.3. Ćwiczenia	-
24. Literatura	
<ol style="list-style-type: none"> 1. Alberts B i wsp. Podstawy Biologii Komórki. Tom 1. Rozdział 8: Kontrola ekspresji genów. PWN Warszawa, 2007. 2. Brown TA. Genomy. Rozdział 12: Synteza i dojrzewanie RNA. PWN Warszawa, 2009. 3. Rogalska S, Achrem M, Wojciechowski A. Chromatyna. Molekularne mechanizmy epigenetyczne. Wyd. Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, 2010; 11-17, 84-94, 128-149, 149-171. 4. Węgleński P. Genetyka Molekularna. Rozdział 6: Budowa i działanie genów eukariotycznych. PWN Warszawa, 2006. 5. Liczbańska A., Woźniak A., Wawrocka A., Kraczyński MR. Techniki wykorzystywane w diagnostyce molekularnej chorób jednogenowych. Nowiny Lekarskie 2006; 75(5):486-490. 6. Olszewska MJ. Nukleosomy i regulacja aktywności chromatyny. Postępy Biologii Komórki. 2010; 37(3): 657- 670. 7. Pokrywka M., Kieć-Wilk B., Polus A., Wybrańska I. Metylacja DNA a otyłość prosta. Postępy Hig Med Dosw (online) 2014; 68: 1383-1391. Guz J., Foksiński M., Oliński R. Mechanizm metylacji i demetylacji DNA — znaczenie w kontroli ekspresji genów. Postępy Biochemii 2010; 56: 7–15. 8. Sikora E., Ptak W., Bryniarski K. Immunoregulacja poprzez interferencyjny RNA – mechanizmy, rolę, perspektywy. Postępy Higieny Medycyny Doświadczalnej 2011; 65: 482-495. 9. Sołek P., Maziarz A., Koziorowski M. Potencjał bioterapeutyczny technologii RNAi. Kosmos Problemy Nauk Biologicznych 2016; 65(1):17-22. 10. Szaryńska M., Kmieć Z. Rola nowotworowych komórek macierzystych w patogenezie i terapii chorób nowotworowych. Forum Medycyny Rodzinnej 2011; 5(1): 47–56. 11. Wcisło-Dziadecka W., Grabarek B., Zmarzły N. et al. Influence of adalimumab on the Expression Profile of Genes Associated with the Histaminergic System in the Skin Fibroblasts In Vitro. BioMed Research International 2018; doi:10.1155/2018/1582173. 12. Winnicki K. Drugi kod, czyli co determinuje regiony aktywności transkrypcyjnej oraz miejsca inicjacji replikacji. Postępy Higieny Medycyny Doświadczalnej. 2009; 63: 169- 175. 13. Zmarzły N., Wojdas E., Skubis A., Sikora B., Mazurek U. DNA methylation: gene expression regulation. Folia Biologica et Oecologica 2016; 12: 1–10. 	
25. Kryteria oceny – szczegóły	
<p>Zgodnie z zaleceniami organów kontrolujących.</p> <p>Zaliczenie przedmiotu - student osiągnął zakładane efekty uczenia się.</p> <p>Szczegółowe kryteria zaliczenia i oceny z przedmiotu są zamieszczone w regulaminie przedmiotu.</p>	