Karta przedmiotu

Informacje ogólne o przedmiocie	
1. Kierunek studiów: Biotechnologia medyczna	**2. Poziom kształcenia:** studia pierwszego stopnia **3. Forma studiów:** stacjonarne
4. Rok: II	**5. Semestr:** IV
6. Nazwa modułu: Moduł molekularno-biochemiczny **Nazwa przedmiotu:** Manipulacje molekularne *in silico*	
7. Status przedmiotu: przedmiot do wyboru	
8. Jednostka realizująca przedmiot: Zakład Biotechnologii i Inżynierii Genetycznej 41-200 Sosnowiec ul. Jedności 8 tel. 32 364 12 73 http://biotechnologia.sum.edu.pl/	
9. Prowadzący przedmiot: dr hab. n. med. Ilona Bednarek, dribednarek@sum.edu.pl	
10. Cel kształcenia: Przedmiot ma na celu przygotowanie słuchaczy do opracowywania strategii klonowania DNA od początkowych etapów analizy budowy i funkcjonowania genów przez dobór odpowiedniej procedury klonowania z zastosowaniem enzymów restrykcyjnych lub reakcji PCR (lub RT-PCR) aż do opracowania metod identyfikujących pożądane cząsteczki rekombinowane. W trakcie zajęć studenci zapoznają się z narzędziami informatycznymi pomocnymi w analizie sekwencji DNA i będą z nich korzystać w trakcie planowania kolejnych etapów klonowania i weryfikacji poprawności rekombinacji genetycznej. Zapoznają się z komputerowym systemem analizy rekombinowanych klonów i rozdziałów elektroforetycznych jako narzędzi pomocnych w interpretacji wyników eksperymentalnych.	
11. Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i innych kompetencji: Znajomość języka angielskiego w stopniu średniozaawansowanym. Znajomość obsługi komputera. Znajomość budowy i funkcjonowania genów. Znajomość podstawowych procesów związanych z kodowaniem i ekspresją informacji genetycznej w komórkach. Znajomość technik: reakcji PCR, RT-PCR, analiza restrykcyjna, elektroforezy DNA, klonowanie DNA.	

12. Efekty kształcenia

Numer efektu kształcenia	Efekty kształcenia Student, który zaliczył przedmiot:	Odniesienie do efektów kształcenia dla programu	Odniesienie do efektów kształcenia dla obszaru
01	Umiejętność wykorzystania internetowych baz danych do wyszukiwania sekwencji DNA i mRNA. Umiejętność interpretowania informacji zawartych w rekordach w celu pozyskania szczegółowej wiedzy dotyczącej budowy genu.	K1_W05 K1_W06 K1_W45 K1_W46 K1_U23 K1_U38 K1_U44 K1_K01 K1_K02 K1_U48 K1_U49	M1_W01 M1_U06 M1_U10 M1_U12 M1_K01 M1_K02 M1_U14
02	Umiejętność doboru odpowiedniej strategii klonowania w odniesieniu do przykładowych sekwencji nukleotydowych oraz wybranych wektorów.	K1_W38 K1_U38 K1_U44 K1_K01 K1_K02 K1_U48	M1_W10 M1_U10 M1_U12 M1_K01 M1_K02 M1_U14

		K1_U49	
03	Umiejętność projektowania starterów do reakcji PCR z wykorzystaniem aplikacji PRIMER-BLAST. Sprawdzanie specyficzności projektowanych oligonukleotydów.	K1_W45 K1_W46 K1_U23 K1_U38 K1_U44 K1_K01 K1_K02 K1_U48 K1_U49	M1_U06 M1_U10 M1_U12 M1_K01 M1_K02 M1_U14
04	Umiejętność przeprowadzenia analizy restrykcyjnej sekwencji DNA w oparciu o narzędzie informatyczne NEBcutter V2.0. Zdolność prognozowania oczekiwanych wyników rozdziału elektroforetycznego fragmentów DNA poddanych restrykcji.	K1_W45 K1_W46 K1_U23 K1_U38 K1_U44 K1_K01 K1_K02 K1_U48 K1_U49	M1_U06 M1_U10 M1_U12 M1_K01 M1_K02 M1_U14
05	Umiejętność planowania strategii klonowania fragmentów DNA	K1_U38 K1_U44 K1_K01 K1_K02 K1_U48 K1_U49	M1_U10 M1_U12 M1_K01 M1_K02 M1_U14
06	Umiejętność planowania strategii identyfikacji rekombinantów.	K1_U38 K1_U44 K1_K01 K1_K02 K1_U48 K1_U49	M1_U10 M1_U12 M1_K01 M1_K02 M1_U14
07	Umiejętność wykonania analizy ilościowej rekombinantów.	K1_U38 K1_U44 K1_K01 K1_K02 K1_U48 K1_U49	M1_U10 M1_U12 M1_K01 M1_K02 M1_U14
08	Umiejętność wykonania analizy ilościowej i jakościowej elektroforegramów.	K1_U38 K1_U44 K1_K01 K1_K02 K1_U48 K1_U49	M1_U10 M1_U12 M1_K01 M1_K02 M1_U14

13. Formy zajęć w odniesieniu do efektów kształcenia

Numer efektu kształcenia	Forma zajęć dydaktycznych					
	wykład	seminarium	ćwiczenia laboratoryjne	ćwiczenia praktyczne	inne	e-learning
01				x		
02				x		
03				x		
04				x		

05				x		
06				x		
07				x		
08				x		

14. Treści programowe

14.1. Forma zajęć: ćwiczenia		**Liczba godzin**
C1	Pozyskiwanie ogólnych i szczegółowych informacji dotyczących budowy i funkcjonowania wybranego genu w oparciu o bazy danych Genbank, Gen i Genatlas.	4
C2	Transkrypt i gen – zróżnicowanie strategii klonowania, korzystanie z baz Genbank i Ensembl Project do pozyskiwania wybranych sekwencji nukleotydowych.	4
C3	Klonowanie tradycyjne z użyciem enzymów restrykcyjnych i reakcji PCR – dobór odpowiedniej metody do różnych sekwencji. Zastosowanie aplikacji PRIMER-BLAST do projektowania starterów reakcji PCR, manualny dobór starterów, weryfikacja parametrów starterów.	4
C4	Dobór wektora do klonowania i wektora ekspresyjnego	2
C5	Planowanie strategii klonowania sekwencji kodującej lub całego genu wraz z elementami regulacyjnymi. Wykorzystanie narzędzia informatycznego NEBcutter V2.0 do analizy restrykcyjnej sekwencji DNA.	6
C6	Planowanie strategii identyfikacji otrzymywanych rekombinantów: metoda restrykcyjna, hybrydyzacyjna i PCR.	4
C7	Wykorzystanie oprogramowania GeneTools (Syngene) do analizy ilościowej rekombinantów.	2
C8	Wykorzystanie oprogramowania GeneTools (Syngene) do analizy jakościowej i ilościowej elektroforegramów.	4
Łącznie		**30**
Łączna liczba godzin z przedmiotu		**30**

15. Metody kształcenia

15.1. ćwiczenia	Pogadanka, klasyczna metoda problemowa, metoda przypadków, metody sytuacyjne, metody ćwiczebne, praca z oprogramowaniem

16. Sposoby weryfikacji efektów kształcenia i sposoby oceny

Numer efektu kształcenia	Sposoby weryfikacji	Warunki zaliczenia
01 - 08	Sprawozdania pisemne wykonywane w trakcie zajęć	wymagane >50% poprawnych odpowiedzi
01 - 08	Kolokwia pisemne – zadaniowe z wykorzystaniem komputera i internetowych baz danych	wymagane >50% poprawnych odpowiedzi

17. Obciążenie pracą studenta

Forma aktywności	Przeciętna liczba godzin na zrealizowanie aktywności	
Godziny kontaktowe z nauczycielem akademickim:	udział w ćwiczeniach	30
	konsultacje	1
	łącznie	**31**
Samodzielna praca studenta	przygotowanie do ćwiczeń	30
	przygotowanie do kolokwiów	4
	przygotowanie do testu zaliczeniowego	4
	łącznie	**38**
Łącznie		**69**

Sumaryczna liczba punktów ECTS dla przedmiotu	**3**
18. Sumaryczne wskaźniki charakteryzujące przedmiot	
Liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich	1
Liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje w ramach zajęć o charakterze praktycznym	1
19. Literatura	
19.1. Podstawowa 1. Biologia molekularna. Krótkie wykłady. P.C. Turner, A.G. McLennan, A.D. Bates, M.R.H. White. Wydawnictwo Naukowe PWN, 2009 2. Instrukcje baz danych dostępne w każdej bazie internetowej	
19.2. Uzupełniająca 1. National Center for Biotechnology Information (US) . NCBI Help Manual [Internet]. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US); 2005-. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK3831	
20. Inne przydatne informacje o module/przedmiocie	
20.1. Liczebność grup	Ustalana zarządzeniami J.M. Rektora
20.2. Materiały do zajęć	Materiały umieszczane na stronie Zakładu: http://biotechnologia.sum.edu.pl (zakładka: studenci)
20.3. Miejsce odbywania się zajęć	sala ćwiczeń Zakładu Biotechnologii i Inżynierii Genetycznej/dydaktyczna sala komputerowa Wydziału
20.4. Miejsce i godzina konsultacji	Zakład Biotechnologii i Inżynierii Genetycznej Godziny konsultacyjne ustalone przez studentów z prowadzącym zajęcia
20.5. Inne	Bieżące ogłoszenia na stronie Zakładu: http://biotechnologia.sum.edu.pl (zakładka: studenci)

21. Formy oceny – szczegóły				
Efekt	Na ocenę 2	Na ocenę 3	Na ocenę 4	Na ocenę 5
Efekt 01	Student nie potrafi wyszukać żądanej sekwencji DNA/mRNA lub potrafi ale nie rozumie sensu otrzymanych wyników wyszukiwania.	Student potrafi wyszukać żądaną sekwencję DNA/mRNA, potrafi wydobyć podstawowe informacje dotyczące poszukiwanej sekwencji.	Student potrafi wyszukać żądaną sekwencję DNA/mRNA, potrafi wydobyć informacje dotyczące budowy genu i jego elementów funkcjonalnych w poszukiwanej sekwencji.	Student potrafi zintegrować informacje pochodzące z różnych baz danych /numerów dostępowych w celu scalenia sekwencji nukleotydowej. Potrafi wydobyć informacje dotyczące budowy genu i jego elementów funkcjonalnych.
Efekt 02	Student nie zna ograniczeń różnych metod klonowania, nie zna podstawowych zasad klonowania DNA, nie wie w jaki sposób	Student nie zna ograniczeń różnych metod klonowania, zna podstawowe zasady klonowania DNA, wie w jaki sposób można	Student zna wszystkie metody klonowania DNA, nie zna ich ograniczeń, wie w jaki sposób można połączyć różne cząsteczki DNA	Student zna wszystkie metody klonowania DNA, znając ich ograniczenia, potrafi samodzielnie zaproponować metodę łączenia

	można połączyć różne cząsteczki DNA	połączyć różne cząsteczki DNA ale wymaga pomocy prowadzącego		różnych cząsteczek DNA
Efekt 03	Student nie potrafi zastosować aplikacji PRIMER-BLAST.	Student potrafi zastosować aplikację PRIMER-BLAST do zaprojektowania dowolnej pary starterów. Potrafi scharakteryzować otrzymane wyniki.	Student potrafi zastosować aplikację PRIMER-BLAST do zaprojektowania pary starterów spełniających określone wymagania. Potrafi scharakteryzować otrzymane wyniki.	Student potrafi zastosować aplikację PRIMER-BLAST do zaprojektowania pary starterów spełniających określone wymogi klonowania. Potrafi scharakteryzować otrzymane wyniki i przeprowadzić analizę specyficzności zaprojektowanych oligonukleotydów.
Efekt 04	Student nie potrafi zastosować aplikacji NEBcutter V2.0.	Student potrafi zastosować aplikację NEBcutter V2.0 i z pomocą prowadzącego ogólnie scharakteryzować analizę restrykcyjną.	Student potrafi zastosować aplikację NEBcutter V2.0 i szczegółowo scharakteryzować analizę restrykcyjną. Potrafi prognozować wynik rozdziału elektroforetycznego.	Student potrafi zastosować aplikację NEBcutter V2.0 i szczegółowo scharakteryzować analizę restrykcyjną i przeprowadzić analizę zgodnie z narzuconymi wytycznymi. Potrafi prognozować wynik rozdziału elektroforetycznego.
Efekt 05	Student nie wie w jaki sposób można zaplanować łączenie końców DNA przeciętego różnymi i identycznymi restryktazami.	Student wie jak można połączyć cząsteczki DNA przecięte pojedynczym enzymem, nie wie jak łączyć końce tępe i końce lepkie przecięte 2 różnymi restryktazami .	Student wie jak można łączyć końce tępe i lepkie - identyczne i różne, zna przynajmniej jedną metodę zatępiania lepkich końców. Wie w dużej części jak zaplanować kolejność odpowiednich ligacji aby docelowo stworzyć wielokrotnie złożony konstrukt DNA.	Student wie jak można łączyć końce tępe i lepkie - identyczne i różne, zna 2 metody zatępiania lepkich końców. Potrafi samodzielnie zaplanować kolejność odpowiednich ligacji aby docelowo stworzyć wielokrotnie złożony konstrukt DNA.
Efekt 06	Student nie wie jak można zweryfikować poprawność klonowania.	Student wie jak można zweryfikować poprawność klonowania ale w ograniczonym	Student wie jak można zweryfikować poprawność klonowania: metodą PCR oraz kilkoma	Student wie jak można zweryfikować poprawność klonowania: metodą PCR oraz kilkoma

		zakresie – jedynie metodą PCR lub/i pojedynczym trawieniem restrykcyjnym.	trawieniami restrykcyjnymi, w tym z zastosowaniem enzymów innych niż te użyte do klonowania. Potrafi wyliczyć wielkości fragmentów restrykcyjnych.	trawieniami restrykcyjnymi, w tym z zastosowaniem enzymów innych niż te użyte do klonowania. Potrafi zaplanować metodę weryfikacji orientacji wstawki w wektorze. Potrafi wyliczyć wielkości fragmentów restrykcyjnych.
Efekt 07	Student nie potrafi odróżnić klonów rekombinowanych od nierekombinowanych lub/i nie potrafi zarejestrować obrazu płytki w systemie analizy obrazu.	Student potrafi odróżnić klony rekombinowane od nierekombinowanych, potrafi zarejestrować obraz płytki w systemie analizy obrazu.	Student potrafi odróżnić klony rekombinowane od nierekombinowanych, potrafi zarejestrować obraz płytki w systemie analizy obrazu i, z pomocą prowadzącego, automatycznie zliczyć ilość klonów rekombinowanych.	Student potrafi odróżnić klony rekombinowane od nierekombinowanych, potrafi zarejestrować obraz płytki w systemie analizy obrazu i automatycznie zliczyć ilość klonów rekombinowanych.
Efekt 08	Student nie potrafi poprawnie wprowadzić obrazu elektroforezy do systemu analizy obrazu.	Student potrafi przeprowadzić wstępną analizę elektroforezy z pomocą prowadzącego.	Student potrafi przeprowadzić pełną analizę elektroforezy z pomocą prowadzącego.	Student potrafi samodzielnie przeprowadzić pełną analizę elektroforezy.