Karta modułu/przedmiotu

Informacje ogólne o module/przedmiocie	
1. Kierunek studiów: analityka medyczna	**2. Poziom kształcenia:** jednolite studia magisterskie **3. Forma studiów:** stacjonarne
4. Rok: III	**5. Semestr:** VI
6. Nazwa modułu/przedmiotu: EPIGENETYKA – BADANIE DZIEDZICZNOŚCI POZAGENOWEJ W DIAGNOSTYCE KLINICZNEJ	
7. Status modułu/przedmiotu: fakultet	
8. Jednostka realizująca moduł/przedmiot: Zakład Biologii Molekularnej Katedry Biologii Molekularnej, ul. Jedności 8, 41-206 Sosnowiec, tel. (0-32) 364-10-20, e-mail: biolmolfarm@sum.edu.pl, http://www.biolmol.sum.edu.pl	
9. Imię i nazwisko osoby odpowiedzialnej za realizację modułu/przedmiotu: Prof. dr hab. n. med. Urszula Mazurek, umazurek@sum.edu.pl	
10. Cel kształcenia: Zapoznanie się z mechanizmami regulacji ekspresji genów z udziałem czynników epigenetycznych. Zrozumienie zjawisk epigenetycznych i ich znaczenia w medycynie regeneracyjnej oraz personalizowanej, w diagnostyce molekulatnej i w terapii epigenetycznej nowotworów.	
11. Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i innych kompetencji: Dobrze opanowana i ugruntowana wiedza z genetyki, biologii molekularnej	

12. Efekty kształcenia

Numer przedmiotowego efektu kształcenia	Przedmiotowe efekty kształcenia	Odniesienie do wzorcowych efektów kształcenia
P_W01	Potrafi przedstawić funkcjonowanie organizmów na poziomie molekularnym	K_W01
P_W02	Potrafi przedstawić złożone zasady przepływu informacji genetycznej oraz scharakteryzować mechanizmy regulacji ekspresji genów	K_W07
P_W03	Zna i potrafi wykorzystywać techniki biologii molekularnej w badaniu epigenetycznej regulacji ekspresji genów	K_W11 K_W21 K_W34 K_W35
P_U01	Samodzielnie analizuje i interpretuje uzyskane wyniki badań	K_U24

13. Formy zajęć w odniesieniu do efektów kształcenia

Numer przedmiotowego efektu kształcenia	Forma zajęć dydaktycznych				
	wykład	seminarium	ćwiczenia	inne	e-learning
P_W01	X				
P_W02	X				X
P_W03		X			
P_U01		X			

14. Treści programowe

14.1. Forma zajęć: Wykłady		**Liczba godzin**
W1	Znaczenie epigenetyki w diagnostyce molekularnej i klinicznej.	3
W2	Metylacja DNA i potranslacyjne modyfikacje białek histonowych jako mechanizmy regulacji ekspresji genów.	e-learning 3
W3	Genomowy imprinting i dziedziczenie epigenetyczne. Mechanizmy	3

	epigenetyczne w komórkach macierzystych.	
W4	Sekwencyjno – specyficzne regulowanie ekspresji genów przez cząsteczki siRNA i miRNA.	3
W5	Diagnostyka i terapia chorób nowotworowych w oparciu o techniki detekcji zjawisk epigenetycznych.	e-learning 3
Łącznie		**15**
14.2. Forma zajęć: Seminaria		
S1	Epigenetyka w erze „omik”.	3
S2	Dynamika zmian wzoru metylacji DNA i jej znaczenie w diagnostyce molekularno-klinicznej.	3
S3	Potencjał zjawiska interferencji RNA w diagnostyce i terapii chorób prozapalnych i nowotworowych.	3
S4	Modyfikacje białek histonowych jako nowe spojrzenie na diagnostykę i terapię molekularnie ukierunkowaną.	3
S5	Opracowywanie algorytmu diagnostycznego i planowanie terapii jako próba odpowiedzi na personalizację leczenia.	3
Łącznie		**15**
14.3. Forma zajęć: Ćwiczenia		
Łącznie		
Łączna liczba godzin z przedmiotu		**30**

15. Metody kształcenia	
15.1. Wykład	Wykłady informacyjne, wykłady problemowe
15.2. Seminaria	Zadania problemowe, dyskusje dydaktyczne
15.3. Ćwiczenia	
15.4. Inne	
15.5. e-learning	Metody wykorzystujące sieć Internet

16. Sposoby weryfikacji efektów kształcenia i sposoby oceny

Numer przedmiotowego efektu kształcenia	Sposoby weryfikacji	Warunki zaliczenia
P_W01	Pisemne sprawozdanie z treści wchodzących w zakres danego seminarium	Oddanie sprawozdania w terminie zgodnie z regulaminem przedmiotu, poprawność udzielonych odpowiedzi.
P_W02		
P_W03		
P_U01	Zaplanowanie analizy molekularnej w odpowiedzi na postawiony problem	Zaliczony projekt analizy.

17. Obciążenie pracą studenta

Forma aktywności	Przeciętna liczba godzin na zrealizowanie aktywności	
Godziny kontaktowe z nauczycielem akademickim:	udział w wykładach	3x3h=9h
	udział w seminariach	5x3h=15h
	konsultacje	6x1h=6h
	Łącznie	**30**
Samodzielna praca studenta	e-learning	2x3h=6h
	przygotowanie do seminariów	5x2h=10h
	przygotowanie rozwiązania analizowanego problemu badawczego	1x3h=5h
	Łącznie:	**21h**
Łącznie:		**51h**

Sumaryczna liczba punktów ECTS dla przedmiotu	**2**
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 za nakład pracy związany z zajęciami o charakterze praktycznym	**1**

19. Literatura

19.1. Podstawowa

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.

19.2. Uzupełniająca

1. Liczbańska A., Woźniak A., Wawrocka A., Kraczyński MR. Techniki wykorzystywane w diagnostyce molekularnej chorób jednogenowych. Nowiny Lekarskie 2006; 75(5):486-490.
2. Olszewska MJ. Nukleosomy i regulacja aktywności chromatyny. Postępy Biologii Komórki. 2010; 37(3): 657- 670.
3. Pokrywka M., Kieć-Wilk B., Polus A., Wybrańska I. Metylacja DNA a otyłość prosta. Postepy 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.
4. Sikora E., Ptak W., Bryniarski K. Immunoregulacja poprzez interferencyjny RNA – mechanizmy, role, perspektywy. Postępy Higieny Medycyny Doświadczalnej 2011; 65: 482-495.
5. Sołek P., Maziarz A., Koziorowski M. Potencjał bioterapeutyczny technologii RNAi. Kosmos Problemy Nauk Biologicznych 2016; 65(1):17-22.
6. Szaryńska M., Kmieć Z. Rola nowotworowych komórek macierzystych w patogenezie i terapii chorób nowotworowych. Forum Medycyny Rodzinnej 2011; 5(1): 47–56.
7. 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.
8. Winnicki K. Drugi kod, czyli co determinuje regiony aktywności transkrypcyjnej oraz miejsca inicjacji replikacji. Postępy Higieny Medycyny Doświadczalnej. 2009; 63: 169- 175.
9. Zmarzły N., Wojdas E., Skubis A., Sikora B., Mazurek U. DNA methylation: gene expression regulation. Folia Biologica et Oecologica 2016; 12: 1–10.

20. Inne przydatne informacje o module/przedmiocie

20.1. Liczebność grup	20 osób
20.2. Materiały do zajęć	Zagadnienia do przygotowania na seminaria
20.3. Miejsce odbywania się zajęć	Sosnowiec, ul. Jedności 8
20.4. Miejsce i godzina konsultacji	Sosnowiec, ul. Jedności 8, zgodnie z harmonogramem dostępnym na stronie Katedry i Zakładu Biologii Molekularnej
20.5. Inne	

21. Formy oceny – szczegóły

Efekt	Brak zaliczenia	Zaliczenie
P_W01 P_W02 P_W03	Nie wykonuje powierzonych zadań	Oddaje poprawnie uzupełnione sprawozdania w terminie zgodnym z regulaminem przedmiotu
P_U01	Nie potrafi zaplanować analizy molekularnej w odpowiedzi na postawiony problem	Potrafi przygotować projekt analizy molekularnej w odpowiedzi na postawiony problem