Załącznik nr 1.5 do Zarządzenia Rektora UR nr 61/2025

SYLABUS

DOTYCZY CYKLU KSZTAŁCENIA *2025/2026 - 2026/2027*
(skrajne daty)
Rok akademicki 2025/2026

1. PODSTAWOWE INFORMACJE O PRZEDMIOCIE

Nazwa przedmiotu	**Genomika**
Kod przedmiotu*	
Nazwa jednostki prowadzącej kierunek	Collegium Medicum, Wydział Biotechnologii
Nazwa jednostki realizującej przedmiot	Collegium Medicum, Wydział Biotechnologii
Kierunek studiów	Biotechnologia
Poziom studiów	II stopień
Profil	ogólnoakademicki
Forma studiów	stacjonarne
Rok i semestr/y studiów	rok I, semestr 1
Rodzaj przedmiotu	specjalnościowy
Język wykładowy	polski
Koordynator	dr Iwona Rzeszutek
Imię i nazwisko osoby prowadzącej / osób prowadzących	dr Iwona Rzeszutek

* *-opcjonalnie, zgodnie z ustaleniami w Jednostce*

1.1.Formy zajęć dydaktycznych, wymiar godzin i punktów ECTS

Semestr (nr)	Wykł.	Ćw.	Konw.	Lab.	Sem.	ZP	Prakt.	Inne (jakie?)	**Liczba pkt. ECTS**
1				15					2

1.2. Sposób realizacji zajęć

☒ zajęcia w formie tradycyjnej
☐ zajęcia realizowane z wykorzystaniem metod i technik kształcenia na odległość

1.3 Forma zaliczenia przedmiotu (z toku) (egzamin, zaliczenie z oceną, zaliczenie bez oceny)

ZALICZENIE Z OCENĄ

2.WYMAGANIA WSTĘPNE

Ukończony kurs z przedmiotu genetyka ogólna, bioinformatyka oraz biologia molekularna

3. CELE, EFEKTY UCZENIA SIĘ , TREŚCI PROGRAMOWE I STOSOWANE METODY DYDAKTYCZNE

3.1 Cele przedmiotu

C1	Zapoznanie studenta z metodami stosowanymi w badaniach genomów w szczególności związanymi z pozyskiwanie danych źródłowych oraz ich analizą
C2	Nauka prezentacji danych genomicznych oraz ich interpretacja

3.2 Efekty uczenia się dla przedmiotu

EK (efekt uczenia się)	Treść efektu uczenia się zdefiniowanego dla przedmiotu	Odniesienie do efektów kierunkowych [1]
EK_01	Student posiada wiedzę w zakresie struktury genomów różnych organizmów	K_W01
EK_02	Student posiada wiedzę w zakresie technik analizy oraz narzędzi służących opisywaniu struktury/organizacji genomów różnych organizmów	K_W02
EK_03	Student rozumie problem przetwarzania danych wrażliwych oraz aspekty etyczne związanych z wykorzystywaniem danych genomicznych	K_W06
EK_04	Student potrafi pozyskiwać dane oraz następnie je analizować w oparciu o dostępne narzędzia bioinformatyczne	K_U02
EK_05	Student posiada świadomość znaczenia niebezpieczeństw związanych z udostępnianiem sekwencji genomu człowieka w celach innych niż szmacących nauce	K_K03
EK_06	Student ma świadomość znaczenia narzędzi bioinformatycznych oraz baz danych dla rozwoju nauki	K_K04

3.3 Treści programowe

A. Problematyka ćwiczeń, konwersatoriów, laboratoriów, zajęć praktycznych

Treści merytoryczne
Metody stosowane w badaniu genomu
Pozyskanie danych z genomicznych baz danych oraz ich analiza
Prezentacja danych genomicznych
Interpretacja danych genomicznych prezentowanych graficznie w różnych artykułach naukowych

[1] W przypadku ścieżki kształcenia prowadzącej do uzyskania kwalifikacji nauczycielskich uwzględnić również efekty uczenia się ze standardów kształcenia przygotowującego do wykonywania zawodu nauczyciela.

3.4 Metody dydaktyczne

Laboratorium: wykonywanie doświadczeń, projektowanie doświadczeń, praca z wykorzystaniem komputerów.

4. METODY I KRYTERIA OCENY

4.1 Sposoby weryfikacji efektów uczenia się

Symbol efektu	Metody oceny efektów uczenia się (np.: kolokwium, egzamin ustny, egzamin pisemny, projekt, sprawozdanie, obserwacja w trakcie zajęć)	Forma zajęć dydaktycznych (w, ćw, ...)
EK_ 01 – EK_06	PROJEKT	LAB
EK_ 01 - EK_06	OBSERWACJA W TRAKCIE ZAJĘĆ	LAB

4.2 Warunki zaliczenia przedmiotu (kryteria oceniania)

Wykonanie projektu naukowego- polegającego na analizie i prezentacji danych genomicznych

5. CAŁKOWITY NAKŁAD PRACY STUDENTA POTRZEBNY DO OSIĄGNIĘCIA ZAŁOŻONYCH EFEKTÓW W GODZINACH ORAZ PUNKTACH ECTS

Forma aktywności	**Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności**
Godziny z harmonogramu studiów	15
Inne z udziałem nauczyciela akademickiego (udział w konsultacjach, egzaminie)	5
Godziny niekontaktowe – praca własna studenta (przygotowanie do zajęć, egzaminu, napisanie referatu itp.)	30
SUMA GODZIN	50
SUMARYCZNA LICZBA PUNKTÓW ECTS	**2**

** Należy uwzględnić, że 1 pkt ECTS odpowiada 25-30 godzin całkowitego nakładu pracy studenta.*

6. PRAKTYKI ZAWODOWE W RAMACH PRZEDMIOTU

wymiar godzinowy	-
zasady i formy odbywania praktyk	-

7. LITERATURA

Literatura podstawowa:

1. J. Pevsner Bioinformatics and Functional Genomics 3rd Edition, Willey Blackwell, 2015 2. A.M. Lesk, Introduction to genomics, Oxford University Press, Oxford, 2007 3. A.M. Campbell, LJ Heyer, Discovering genomics, proteomics & bioinformatics, Benjamin Cummings CSHL Press, San Francisco, 2003 4. A.D. Baxevanis, BF Ouellette, Bioinformatyka. Podręcznik do analizy genów i białek. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa, 2005 5. C.A. Cullis, Plant genomics and proteomics, John Wiley & Sons, Inc., Hoboken, New Jersey, 2004 6. T. A. Brown. Genomy. PWN, Warszawa 2009 7. Higgs, Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN 2008 8. Jin Xiong, Podstawy bioinformatyki, WUW
Literatura uzupełniająca: 1. NCBI https://www.ncbi.nlm.nih.gov/ 2. https://www.yeastgenome.org/ 3. http://www.candidagenome.org/ 4. https://www.informatics.jax.org/ 5. https://parasite.wormbase.org/Caenorhabditis_elegans_prjna13758/Info/Index/

Akceptacja Kierownika Jednostki lub osoby upoważnionej