

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 do wyboru
Język wykładowy	język polski
Koordynator	Prof. dr hab. Maciej Wnuk
Imię i nazwisko osoby prowadzącej / osób prowadzących	Prof. dr hab. Maciej Wnuk

* -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 pozyskiwaniem 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_o1	Student posiada wiedzę w zakresie struktury genomów różnych organizmów	K_Wo1
EK_o2	Student posiada wiedzę w zakresie technik analizy oraz narzędzi służących opisywaniu struktury/organizacji genomów różnych organizmów	K_Wo2
EK_o3	Student rozumie problem przetwarzania danych wrażliwych oraz aspekty etyczne związane z wykorzystywaniem danych genomicznych	K_Wo6
EK_o4	Student potrafi pozyskiwać dane oraz następnie je analizować w oparciu o dostępne narzędzia bioinformatyczne	K_Uo2
EK_o5	Student posiada świadomość znaczenia niebezpieczeństw związanych z udostępnianiem sekwencji genomu człowieka w celach innych niż szmacujące naukę	K_Ko3
EK_o6	Student ma świadomość znaczenia narzędzi bioinformatycznych oraz baz danych dla rozwoju nauki	K_Ko4

3.3 Treści programowe

A. Problematyka wykładu

Treści merytoryczne
nie dotyczy

B. Problematyka ćwiczeń, konwersatoriów, laboratoriów, zajęć praktycznych

Treści merytoryczne
Pozyskanie danych z różnych dedykowanych baz danych genomicznych
Charakterystyka genomów w oparciu o narzędzia bioinformatyczne
Prezentacja danych genomicznych
Interpretacja danych genomicznych prezentowanych graficznie w różnych artykułach naukowych

3.4 Metody dydaktyczne

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

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