



Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	GENETYKA MOLEKULARNA, PG_00058278						
Kierunek studiów	Biotechnologia						
Data rozpoczęcia studiów	luty 2024 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2024/2025		
Poziom kształcenia	II stopnia		Grupa zajęć		Grupa zajęć fakultatywnych Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	1		Język wykładowy		polski		
Semestr studiów	2		Liczba punktów ECTS		4.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		egzamin		
Jednostka prowadząca	Wydział Chemiczny -> Katedra Biotechnologii Molekularnej i Mikrobiologii						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr hab. Beata Zalewska-Piątek				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć i metody nauczania	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	30.0	0.0	0.0	0.0	15.0	45
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów		Udział w konsultacjach		Praca własna studenta	RAZEM
	Liczba godzin pracy studenta	45		10.0		45.0	100
Cel przedmiotu	Celem przedmiotu jest zapoznanie się z podstawowymi mechanizmami funkcjonowania genomów, regulacji ich aktywności i dziedziczenia oraz metodami wykorzystywanymi do analizy struktury, funkcji genów, wyłączenia ich aktywności oraz skutków zmian mutacyjnych.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[K7_U05] umie stosować instrumentalne metody analizy ilościowej i jakościowej oraz badania aktywności biomolekuł, wybrać i zastosować metody diagnostyczne i analityczne w zakresie swojej specjalności ze szczególnym uwzględnieniem diagnostyki genetycznej, molekularnej i mikrobiologicznej oraz opartej na reakcji antygen-przeciwciała		Student wie jak analizować zmiany mutacyjne w genomie z uwzględnieniem metod cytogenetycznych i molekularnych.		[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi [SU3] Ocena umiejętności wykorzystania wiedzy uzyskanej w ramach przedmiotu		
	[K7_K02] ma świadomość ograniczeń i konieczność nieustannego poszerzania się stanu wiedzy i techniki; rozumie potrzebę kształcenia i dokształcania się przez całe życie		Student analizuje dostępny stan wiedzy dotyczący metod edycji genomów i ich potencjalnych aplikacji.		[SK2] Ocena postępów pracy [SK5] Ocena umiejętności rozwiązywania problemów występujących w praktyce [SK3] Ocena umiejętności organizacji pracy		
	[K7_W01] posiada zaawansowaną wiedzę dotyczącą metod inżynierii genetycznej i genetyki molekularnej, funkcjonowania układu immunologicznego i mechanizmów odpowiedzi układu odpornościowego, metod diagnostycznych, i analitycznych w zakresie specjalności		Student potrafi wykonywać adnotacje funkcjonalne genów w oparciu dostępne metody genetyki molekularnej.		[SW3] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym [SW2] Ocena wiedzy zawartej w prezentacji		

<p>Treści przedmiotu</p>	<p><b>Geny jako nośniki informacji genetycznej, pojęcie genomu. Genomy eukariotyczne.</b> Budowa fizyczna genomów jądrowych i pozajądrowych (organellarnych) - mitochondrialne (mitochondria) i plastydowe DNA (chloroplasty) cechy charakterystyczne, organizacja genetyczna, mechanizmy upakowania i funkcje pełnione w komórkach. <b>Genomy prokariotyczne i mobilne elementy genetyczne.</b> Anatomia genomów prokariotycznych, globalna organizacja nukleoidu i mechanizmy kondensacji (białka NAP, grupa SMC i białka homologiczne, topoizomery). Zawartość DNA powtarzającego się w genomach, typu zgrupowane tandemowo (DNA satelitarne, minisatelity i mikrosatelity) oraz rozproszone (retrotranspozony LTR i non-LTR) i ich wykorzystanie w różnych szlakach biologicznych komórek gospodarza. Transpozony DNA. <b>Adnotacje funkcjonalne genów.</b> Przypisywanie odnalezionym genom (ich produktom białkowym) funkcji i roli pełnionej w komórce/organizmie w oparciu o metody bioinformatyczne (np. poszukiwania sekwencji podobnych, identyfikacja motywów i domen strukturalnych w białkach, lokalizacja w komórce) i eksperymentalne (np. inaktywacja genów - rekombinacja homologiczna, transpozony, interferencyjne RNA, analiza interakcji białek w drożdżowych systemach dwu- i jednohybrydowych, mutageneza ukierunkowana). <b>Introny RNA grupy II i wyłączenie działania genów bakteryjnych.</b> Wykorzystanie intronów RNA grupy II (Targetron Gene knockout system) w procesie miejscowo-specyficznej inaktywacji genów bakteryjnych (rekombinacja zlokalizowana) szczepów laboratoryjnych i klinicznych, wprowadzania mutacji punktowych i generowania bibliotek chromosomalnych z wyłączonymi genami. Rekombinacja Cre-loxP zależna oparta na rekombinazie Cre, wykazującej mechanizm działania podobny do topoizomera DNA typu I. <b>Edycja genomu przez pośrednie i bezpośrednie przekazywanie sygnałów.</b> Specyficzne modyfikacje genomów (bakteryjnych, roślinnych, zwierzęcych, ludzkich) za pośrednictwem programowanych nukleaz (meganukleazy, nukleazy z motywem palca cynkowego, ZFN, nukleazy TALE, system CRISPR). <b>System CRISPR-Cas9 i jego alternatywa - prime editing, potencjalne aplikacje.</b> Wykorzystanie systemu CRISPR-Cas9 typu II w tworzeniu zwierzęcych i komórkowych modeli chorób ludzkich (o podłożu jednogenomowym i wielogenomowym), w terapii chorób genetycznych, nowotworowych, wirusowych i pasożytniczych. Charakterystyka systemu prime editing, opartego na fuzyjnym białku SpCas9n-RT (nikaza Cas9-odwrotna transkryptaza) i pegRNA (edytująco-naprowadzającym RNA). <b>Regulacja aktywności genomu przez pośrednie i bezpośrednie przekazywanie sygnałów.</b> Mechanizmy determinujące krótkotrwałe (sygnalizacja bezpośrednia i pośrednia) i stałe zmiany w aktywności genomów (fizyczne rearanżacje genomu, zmiany struktury chromatyny i sprzężenie zwrotne). <b>Regulacja zmian w genomie podczas procesów rozwojowych na bazie wybranych organizmów modelowych.</b> Badania rozwoju organizmów jedno- i wielokomórkowych (<i>Bacillus subtilis</i>, <i>Caenorhabditis elegans</i>, <i>Drosophila melanogaster</i>). Analiza mechanizmów chorób neurodegeneracyjnych. <b>Mutacje, mutageny i mutageneza środowiskowa.</b> Typy i przyczyny mutacji. Skutki mutacji (bezpośrednie na genom i pośrednie na fenotyp). Mutageny środowiskowe. Metody wykorzystywane do badania skutków genotoksycznych. Test Ames. Analiza aberracji chromosomowych. Wymiana chromatyd siostrzanych, SCE. Metoda mikrojądra. Test kometowy, SCGE i Tunel. Hybrydyzacja fluorescencyjna FISH i jej modyfikacje. <b>Odpowiedzi biologiczne na poziomie organizmu lub niższym indukowane przez czynniki chemiczne i fizyczne (mutageny).</b> Biomarkery (acetylocholinoesterazy, białka krzepnięcia, monooksygenazy, witelogenina, porfiryny i synteza hemu) i biotransformacja. <b>Transfekcja komórek eukariotycznych jako podstawowe narzędzie wprowadzania biomolekuł do komórek.</b> Transfekcja stała i przejściowa. Metody wprowadzania transgenów i syntetycznych oligonukleotydów do komórek docelowych. <b>Transfekcja fizyczna</b> (elektroporacja, bombardowanie mikrocząsteczkami, zastosowanie szklanych kulek, bezpośrednia mikroiniekcja do jądra komórkowego), <b>chemiczna</b> (wykorzystanie fosforanu wapnia, DEAE-dekstranu, peptydów wnikających do komórek, nośników lipidowych) i <b>biologiczna</b> (wektory wirusowe oparte na adenowirusach, retrowirusach, lentiwirusach, bakulowirusach).</p> <p>SEMINARIUM</p> <p>1. Historia zapisana w genach. Co było pierwsze DNA czy RNA? Powstawanie nowych genów. 2. Konstruowanie i wykorzystanie drzew filogenetycznych. 3. Genetyka sądowa. Identyfikacja osób i próbek, ustalanie ojcostwa, badanie dowodów rzeczowych. 4. Komórki macierzyste z krwi pępowinowej. Zastosowania i nadzieje. 5. Przeszczepy tkankowe (bariery genetyczne w transplantologii, odpowiedź gospodarz przeciwko przeszczepowi i przeszczep przeciwko gospodarzowi, zapobieganie odrzutom, nieswoiste i swoiste środki immunosupresyjne) i narządowe. 6. Rusztowania tkankowe jako alternatywa dla konwencjonalnych przeszczepów narządów i tkanek. Biomateriały naśladujące własne tkanki (poliestry i elastomery). 7. Biotechnologiczne nanomateriały i ich zastosowanie w medycynie. 8. Białka rekombinantowe jako użyteczne czynniki terapeutyczne (insulina, hormon wzrostu, czynniki krzepnięcia krwi, cytokiny, humanizowane przeciwciała monoklonalne). 9. Molekularny mechanizm neuroprzebiegu. Cząsteczki neuroprzebiegu (pobudzające i czujnikowe). 10. Formowanie biofilmu bakteryjnego (metody detekcji) i terapia alternatywna do antybiotykoterapii. 11. Autoagregująca adhezyna Ag43 w komórkach <i>E. coli</i> i jej rola w patogenezie zakażeń bakteryjnych (struktura i transport domeny alfa antygeny Ag43 na powierzchnię komórek bakteryjnych, właściwości biologiczne adhezja, inwazja, autoagregacja i formowanie biofilmu). 12. Terapia genowa a nowotwory (wprowadzanie do komórek genów samobójczych, immunomodulacyjnych, antyangiogennych, proapoptotycznych). 13. Systemy MDR jako mechanizm oporności pałeczek Gram-ujemnych na stosowaną chemioterapię. 14. Diagnostyka molekularna chorób genetycznych (diagnostyka aberracji chromosomowych, mutacji punktowych, delecji). 15. Choroby sprzężone z chromosomem X przekazywane w sposób recesywny (hemofilia, dystrofia mięśniowa Duchenne, mukopolisacharydoza typu II). 16. Choroby neurodegeneracyjne (Alzheimer, Parkinsona i Huntingtona). 17. Choroby autoimmunologiczne. 18. Zespoły nawracających gorączek u dzieci warunkowanych genetycznie (TRAPS, MAPS postać łagodna i bardzo ciężka, CINC i zespoły pokrewne typu MWS i FCU) i bez ustalonego dotychczas podłoża genetycznego (PFAPA). 19. Genetyczne predyspozycje do wystąpienia raka piersi i jajnika u kobiet (geny podwyższonego ryzyka, mutacja a nowotwór, testy genetyczne). 20. Patomechanizm zakażeń dróg moczowych powodowanych przez uropatogenne szczepy <i>E. coli</i> i alternatywne formy terapii (szczepionki, innowacyjne chemoterapeutyki - pilicydy).</p>
<p>Wymagania wstępne i dodatkowe</p>	<p>Wymagane posługiwanie się wiedzą z zakresu podstawowych zagadnień z biochemii i biologii molekularnej.</p>

Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
Zalecana lista lektur	Ocena złożona obejmująca seminarium i wykład. Ostateczny wynik (%) = wynik z seminarium – wygłoszony referat i aktywność na zajęciach (%) x 0.4 + wykładu - 2 testy pisemne (%) x 0.6.	60.0%	100.0%
	Podstawowa lista lektur	<p>Brown T. A. Genomy. PWN. 2019.</p> <p>Żeromski J. Immunologia. PZWL. 2000.</p> <p>Epstein R.J. Biologia molekularna człowieka. CZELEJ. 2006.</p> <p>Raszeja S., Nasiłowski W., Makarewicz J. Medycyna sądowa. Podręcznik dla studentów. PZWL. 1990.</p> <p>Szczerkowska Z. Badania biologiczne w sądowym ustalaniu ojcostwa. Wydawnictwo Instytutu Ekspertyz Sądowych, IES. 1998.</p> <p>Szczerkowska Z., Pawłowski R. Podstawy genetyki sądowej. Wydawnictwo Akademii Medycznej w Gdańsku, AMG, Gdańsk, 2002.</p>	
	Uzupełniająca lista lektur	<p>Ridley M. Genome. New York Times. Księgarnia Bookcity. 2016.</p> <p>Branden C., Tooze J. Introduction to protein structure. Garland. 1999.</p>	
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<p>Mutageny i mutageneza środowiskowa.</p> <p>Adnotacje funkcjonalne genów.</p> <p>Edycja genomu - CRISPR-Cas, prime editing, programowane nukleazy.</p> <p>Wykorzystanie organizmów modelowych w analizach ekspresji genów.</p>		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		