

**Karta przedmiotu**

Nazwa i kod przedmiotu	Cytogenetyka i kontrola epigenetyczna (Ćw. laboratoryjne), PG_00193535						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2028/2029		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie	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	3	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	5	Liczba punktów ECTS			3.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Joanna Rojek				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	30.0	0.0	0.0	30
	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	30		0.0		45.0	75
Cel przedmiotu	Zrozumienie zasad cytogenetyki, budowy jądrowego genomu komórki roślinnej oraz zagadnień dotyczących molekularnych mechanizmów rozwoju wegetatywnego i generatywnego roślin okrytozalążkowych.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[BIOINL3_U02] Potrafi zastosować wiedzę z nauk przyrodniczych i ścisłych do formułowania, analizowania i rozwiązywania problemów związanych z bioinformatyką		Absolwent wykorzystuje wiedzę z zakresu cytogenetyki do interpretacji znanych danych empirycznych. Absolwent kontroluje krytycznie informacje dotyczące mechanizmów kontroli epigenetycznej pochodzące z różnych źródeł, w tym anglojęzycznych.		[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU3] opracowanie tekstowe/praca pisemna		
	[BIOINL3_W02] Ma zaawansowaną wiedzę z nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną do zrozumienia podstaw funkcjonowania organizmów żywych		Absolwent 1. Zna organizację i budowę genomu roślin. 2. Zna budowę i podziały chromosomów. 3. Rozumie mechanizmy kontroli epigenetycznej. 4. Zna różnice epigenomu roślin i zwierząt. 5. Zna mechanizmy reakcji na stres środowiskowy.		[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SW2] prezentacja/projekt/referat/raport [SW3] opracowanie tekstowe/praca pisemna		

Treści przedmiotu	<p>1. Przegląd podstawowych zagadnień cytogenetyki roślin.2. Analiza kariotypu: kariotyp, kariogram, ideogram.3. Organizacja i budowa genomu.4. Cykl komórkowy, mitozą mejoza.5. Mechanizmy regulujące ilość DNA w komórce roślinnej.6. Zmienności liczby chromosomów i układów chromosomowych oraz ich znaczenia w mikroewolucji i specjacji.7. Metylacja cytozyny i jej zmiany w ontogenezie.8. Molekularna analiza kariotypu.9. Zagadnienia cytogenetyki u wybranych grup roślin.10. Porównanie epigenomu roślin i zwierząt - podstawowe komponenty regulacji epigenetycznej.11. Mechanizmy epigenetyczne kontrolujące rozmnażanie płciowe, apomiktyczne i wegetatywne.12. Kontrola genetyczna i epigenetyczna reakcji na stres środowiskowy - mechanizmy apomiksji;13. Techniki biotechnologiczne w krzyżowaniu międzygatunkowym, międzyrodzajowym.14. Wykorzystanie apomiksji w hodowli roślin uprawnych</p>		
Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>Ukończona biologia komórki i metabolizm. Ukończona biologia molekularna i genetyka. Student po ukończeniu przedmiotów obowiązkowych w pierwszych trzech semestrach posiada wiedzę i umiejętności kwalifikujące go do uczestnictwa i zaliczenia przedmiotu.</p>		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru - - kolokwium	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<p>Podstawy cytogenetyki roślin. PWN, Warszawa 1999 Malepszy S. Biotechnologia roślin. PWN, Warszawa 2009 Publikacje naukowe udostępnione przez nauczyciela.- Paro R, Grossniklaus U, Santoro R, Wutz A. Introduction to Epigenetics. Cham (CH): Springer; 2021.</p>	
	Uzupełniająca lista lektur	<p>Publikacje naukowe udostępnione przez nauczyciela.- Paro R, Grossniklaus U, Santoro R, Wutz A. Introduction to Epigenetics. Cham (CH): Springer; 2021.</p>	
	Adresy eZasobów		

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<p><b>Przykład projektu:</b></p> <p><b>Projekt 1</b></p> <p>Przeanalizuj prace oraz ustosunkuj się do finalnego stwierdzenia autorów o uzyskaniu podwojonego matczynego haploida.</p> <p>Czy na podstawie uzyskanych wyników oraz diagnostyki potwierdzono sposób ich powstania?</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Fu, S., Yin, L., Xu, M. et al. Maternal doubled haploid production in interploidy hybridization between <i>Brassica napus</i> and <i>Brassica allooctaploids</i>. <i>Planta</i>247, 113125 (2018). <a href="https://doi.org/10.1007/s00425-017-2772-y">https://doi.org/10.1007/s00425-017-2772-y</a></li> </ul> <p><b>Background problemu</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Autorzy twierdzą, że znaleźli nową drogę in vivo do produkcji matczynego podwójnego haploida <i>Brassica napus</i>. Dawca pyłku, allooktaploidalny rzepak, działa jako induktor DH.</li> <li>stworzyli nową sztuczną hybrydę <i>Brassica</i>, allooktaploid <i>Brassica</i> (AAA ACC CC, <math>2n = 8 \times = 76</math>), poprzez krzyżowanie międzygatunkowe i podwojenie genomu.</li> <li>Opisali linię homozygotyczną przy trzeciej autogeneracji zsyntetyzowanego alloheksaploida <i>Brassica</i> (AAA ACC, <math>2n = 6 \times = 58</math>).</li> <li>Przeprowadzono krzyżówki między <i>B. napus</i> jako matka a allooktaploidem <i>Brassica</i> jako dawcą pyłku, i uzyskano <b>matczyny podwojony haploid</b> <i>B. napus</i>, który zidentyfikowano na podstawie fenotypu, ploidii i analizy molekularnej. <ul style="list-style-type: none"> <li>Zagadnienia: <ul style="list-style-type: none"> <li>A. Materiał roślinny do badań i uzyskany w eksperymencie. Jakie linie <i>Brassica</i> były wyjściowe, i co z czym skrzyżowano, i jeszcze dodano, aby końcowo uzyskać oktoploidalne genotypy DH?</li> <li>B. Ocena morfologiczna roślin wyjściowych raz otrzymanych oraz zdolności do zapylenia. Jakie metody zastosowano. Czy były różnice? Jakie?</li> <li>C. Ocena stopnia ploidalności i liczby chromosomów. Jakie metody zastosowano, na czym te metody polegały. Jaki był wynik?</li> <li>D. Ocena homozygotyczności/heterozygotyczności. Opis metody i wyniku. Czy udało się tą metoda udowodnić identyczność DH z jednym z rodziców?</li> </ul> </li> </ul> </li> </ul> <p>Ogólne wytyczne przygotowania projektów:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>projekt należy przygotować w formie tekstowej (plus zdjęcia/schematy; plik Word do 4 stron A4) oraz w formie prezentacji.</li> <li>Prezentacja jest formą graficzną opisanego projektu do przedstawienia na ostatnich ćwiczeniach zaliczeniowych (czas prezentacji 15 min).</li> <li>Oceniane są obydwie formy (opis: 75% oceny, prezentacja projektu na ostatnich zajęciach: 25%).</li> <li>Każdy członek zespołu ma uczestniczyć w prezentacji</li> <li>formę tekstową oddajemy prowadzącemu najpóźniej 24 godziny przez zajęciami</li> </ul>
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.