

1.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku polskim Metagenomika	
2.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku angielskim Metagenomics	
3.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii	
4.	Kod przedmiotu/modułu 29-BT-S2-E1-METGc	
5.	Rodzaj przedmiotu/modułu (<i>obowiązkowy lub fakultatywny</i>) Obowiązkowy	
6.	Kierunek studiów Biotechnologia	
7.	Poziom studiów (<i>I lub II stopień lub jednolite studia magisterskie</i>) II stopień	
8.	Rok studiów (<i>jeśli obowiązuje</i>) I rok	
9.	Semestr (<i>zimowy lub letni</i>) Zimowy	
10.	Forma zajęć i liczba godzin Ćwiczenia: 30 godzin	
11.	Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy osoby prowadzącej zajęcia dr Agnieszka Kois-Ostrowska	
12.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu/modułu oraz zrealizowanych przedmiotów Licencjat.	
13.	Cele przedmiotu: Poznanie metod analizy populacji mikroorganizmów w różnych biocenozach bez konieczności ich hodowli i namnażania. Podczas ćwiczeń student zobowiązany jest do samodzielnego przeprowadzenia doświadczeń oraz przedstawienia, analizy i interpretacji uzyskanych wyników.	
14.	Zakładane efekty kształcenia: 1. Zdobycie wiedzy z zakresu metagenomiki, (metagenomiczna terminologia). 2. Nabycie umiejętności stosowania technik biologii molekularnej. 3. Zdobycie wiedzy na temat technik określenia mikrobiologicznego składu różnych biocenoz (gleba, zbiorniki wodne), 4. Samodzielna interpretacji danych eksperymentalnych, tworzenie raportu z realizacji doświadczenia oraz współdziałanie w grupie.	K2_W01, K2_W02, K2_W04, K2_W07, K2_W09, K2_U06, K2_K02, K2_K03
15.	Treści programowe Tematyka zajęć umożliwia: <ul style="list-style-type: none"> zapoznanie się z technikami izolacji DNA bezpośrednio z próbek środowiskowych 	

	(gleba), <ul style="list-style-type: none"> • pogłębienie umiejętności stosowania technik biologii molekularnej (m.in. PCR, klonowanie, elektroforeza preparatywna, transformacja komórek), • zapoznanie się z zasadami stosowania markera filogenetycznego 16S_rRNA do identyfikacji mikroorganizmów bez potrzeby ich hodowli, • przeprowadzenie analizy identyfikacji bakterii z wykorzystaniem baz danych na podstawie wyników uzyskanych w reakcji sekwencjonowania markerów filogenetycznych, • zapoznanie się z techniką Real Time PCR – w celu ilościowego wykrywania bakterii w próbce środowiskowej 	
16.	Zalecana literatura (<i>podręczniki</i>) 1. Bieżąca literatura oraz instrukcje dostarczone przez prowadzącego ćwiczenia.	
17.	Forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu/modułu, sposób sprawdzenia osiągnięcia zamierzonych efektów kształcenia: Ocena końcowa uzyskana z ocen z pisemnego kolokwium końcowego, sprawozdania oraz z aktywności na zajęciach.	
18.	Język wykładowy Polski	
19.	Obciążenie pracą studenta	
	Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności
	Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - ćwiczenia:	30
	Praca własna studenta np.: - przygotowanie do zajęć:	5
	- przygotowanie do kolokwium:	10
	- opracowanie wyników i napisanie raportu z ćwiczeń:	10
	Suma godzin	55
	Liczba punktów ECTS	2