|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Šifra predmeta:** | | | **2605** | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Naziv predmeta:** | | | **FUNKCIONALNA GENOMIKA** | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **OPĆI PODACI:** | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Studijski program:** | | | | | **Molekularne bioznanosti** | | | | | | | | | | | | | | |
| **Modul:** | | | | | Biomedicina | | | | | | | | | | | | | | |
| **Nositelj predmeta:** | | | | | Doc.dr. sc. Marijeta Kralj, znastvena savjetnica – trajno zvanje | | | | | | | | | | | | | | |
| **Ustanova nositelja predmeta:** | | | | | | | Institut "Rudjer Bošković", Zavod za molekularnu medicinu | | | | | | | | | | | | |
| **Suradnici – izvoditelji:** | | | | | | | Dr. sc. Robert Belužić, viši asistent  Dr. sc. Katja Ester, znanstvena suradnica  Dr. sc. Marko Marjanović, znanstveni suradnik | | | | | | | | | | | | |
| **Status predmeta:** | | | obvezni x izborni | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Godina i semestar u kojem se predmet predaje:** | | | | | | | | | | | | | | | I. godina, II. semestar | | | | |
| **Cilj predmeta:** | | |  | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Stjecanje uvida u suvremenu tehnologiju korištenu u analizi ekspresije i funkcije gena i proteina, važnosti kompjuterske obrade podataka (bioinformatike) te ogromnih mogućnosti korištenja ovh metoda u osnovnom istraživanju, dijagnostici, prognostici i otkriću novih lijekova. | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Sadržaj predmeta:** | | | |  | | | | | | | | | | | | | | | |
| Funkcionalna genomika temelji se na eksperimentima kojima se obuhvaća analiza širokog raspona gena i/ili proteina te kompjuterskoj analizi dobivenih rezultata. Osnovna strategija rada u području funkcionalne genomike jest širenje raspona istraživanja nekog biološkog uzorka tako da se sa analize pojedinog gena (proteina), prelazi na sustavno proučavanje aktivnosti mnoštva njih odjednom. Funkcionalna genomika za cilj ima objediniti i povezati informaciju koju nam daju sekvence gena sa njegovom funkcijom a sve to kako bi se dobio uvid u procese nekog biološkog sustava.  Teme: Uvod u funkcionalnu genomiku, tehnologija DNA čipova, snovni principi proteomike, pregled tehnika koje se koriste u proteomici s posebnim naglaskom na "diferencijalno" profiliranje, identifikaciju proteina i post-translacijskie modifikacije, otkriće gena u zdravim organizmima i u bolesnim stanjima, određivanje funkcije gena, genska i ciljana terapija, farmakogenomika i toksikogenomika, molekularni portreti raka, molekularni portreti odgovora na terapiju raka, značaj bioinformatike. | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Ishodi učenja: kompetencije, znanje, vještine koje predmet razvija** | | | | | | | | | | | | | | | | | | |  |
| Nakon odslušanog kolegija, student će:   * naučiti osnovne pojmove u funkionalnoj genomici, kao što su genomika, proteomika, metabolomika, kemokenomika.. * studenti će razviti osnovna znanja o novim tehnologijama širokog raspona (teoretsko i praktično), kao što su DNA i proteinski čipovi, sekvencioniranje nove generacije (NGS) * dobit će uvid u mogućnosti korištenja tih tehnologija u istraživanju funkcija stanica u zdravlju i bolesti * studenti će moći razumjeti molekularne aspekte i regulaciju genske i proteinskeekspresije * dobit će uvid u potrebu interdisciplinarnih istraživanja i kompjuterske obrade podataka. * studenti će biti i upoznati s praktičnim radom na najsuvremenijoj opremi (mikročipovi, sekvencioniranje nove generacije, NGS). * Naučiti na koje sve načine se istražuju biomarkeri * Naučiti važnost personalizirane medicine | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Satnica, način izvedbe i ECTS koeficijent opterećenja studenta** | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **ECTS bodovi** | | | | | | | | | 3 | | | | | | | | | | |
| **Broj sati** | | | | Predavanja | | | | | 5 | | | | | | | | | | |
| Seminari | | | | | 5 | | | | | | | | | | |
| Vježbe (E) | | | | | 5 | | | | | | | | | | |
| **Ukupno** | | | | | **15** | | | | | | | | | | |
| **NAČIN IZVOĐENJA NASTAVE I USVAJANJA ZNANJA** | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Predavanja** | **Seminari** | | | | | **Vježbe** | | | | | | Radionice | | | | Samostalni zadaci | | | |
| **Multimedija i internet** | Obrazovanje na daljinu | | | | | **Konzultacije** | | | | | | | Rad u laboratoriju | | | Mentorski rad | | Terenska nastava | |
| **Napomene:** | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Obveze studenata:** redovito pohađanje nastave i obavezno pohađanje vježbi | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Praćenje i ocjenjivanje studenata (označiti masnim tiskom samo relevantne kategorije)** | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Pohađanje nastave** | | | | Aktivnosti u nastavi | | | | | | | **Obvezan seminarski rad** | | | | | | Vježba ili case study | | |
| **Način ocjenjivanja:** | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Pismeni ispit** | | Usmeni ispit | | | | | | Esej/Seminar | | | | | | Prikaz slučaja | | | Analiza objavljene publikacije | | |
| Projekt | | Kontinuirana provjera znanja u tijeku nastave | | | | | | | | | | | | Prezentacija | | | Praktičan rad | | |
| **Obvezna literatura:** | | | |  | | | | | | | | | | | | | | | |
| Koristiti će se recentne znanstvene publikacije (znanstveni i pregledni članci) koji pokrivaju područje funkcionalne genomike.   1. Young RA. Biomedical discovery with DNA arrays. *Cell*, 102:9-15, 2000. 2. C. Hultschig, J.Kreutzberger, H. Seitz, Z. Konthur, K. Bussow, H. Lehrach. Recent advances of protein microarrays. *Current Opinion in Chemical Biology* 2006, 10:4–10. 3. Pandey A, Mann M. Proteomics to study genes and genomes. *Nature*, 405:837-846, 2000. 4. Modelska A., Quattrone A., Re A.: Molecular portraits: the evolution of the concept of transcriptome-based cancer signatures. *Briefings in Bioinformatics*, 2015, 1–8. 5. Stunnenberg H. G., Hubner N. C. Genomics meets proteomics: identifying the culprits in disease. *Hum Genet* (2014) 133:689–700. 6. Bredel M., Jacoby E.. Chemogenomics: an emerging strategy for rapid target and drug discovery. *Nature Rev Genet* (2004) 5:262-275. 7. M. Baker. The ’omes puzzle. *Nature* (2013) 474:416-419. | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Dopunska (preporučena) literatura:** | | | | | | | | | |  | | | | | | | | | |
| 1. Macgregor PF, Squire JA. Application of microarrays to the analysis of gene expression in cancer. *Clin. Chem*. 48:1170-1177, 2002. 2. Mohr S, Leikauf GD, Keith G. Rihn BH. Microarrays as cancer keys: an array of possibilities. *J. Clin. Oncol*. 20:3165-3175, 2002. 3. V. Kulasingam and E. P Diamandis. Strategies for discovering novel cancer biomarkers through utilization of emerging technologies. *Nature clinical practice oncology* (2008) 5:588-599. 4. Steven W. Cole. Human Social Genomics. *PLOS Genomics* (2014) e1004601. | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| **Način praćenja kvalitete i uspješnosti izvedbe (evaluacija):** | | | | | | | | | | | | | | | | |  | | |
| Uspješnost kolegija će evaluirati svake godine zajedničko stručno povjerenstvo Instituta Ruđer Bošković, Sveučilišta u Dubrovniku i Sveučilišta u Osijeku, a voditelji će putem ankete od polaznika dobiti informacije o primjerenosti programa i uspješnosti od strane voditeljstva. | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |