



Struktura i analiza animalnog genoma (116380)

Course coordinator

[Prof. Vlatka Čubrić Čurik, PhD](#)

Course description

Nagli razvoj metoda određivanja nukleotidnih sljedova (sekvenciranja) cijelih genoma kod domaćih životinja dao je doprinos naglom razvoju metoda uzgoja i selekcije domaćih životinja. Klasična selekcija odabira najboljih jedinki za daljnji uzgoj zamijenjena je izračunavanjem genomske uzgojne vrijednosti. Kako bi studenti mogli pratiti module vezane uz izračune i procijene genomske uzgojne vrijednosti nužno je poznavati osnovne strukture animalnog genoma. Animalni genom je veličine c.3 Gb i njegovi kodirani dijelovi sudjeluju u ekspresiji svojstava važnih u proizvodnji i za zdravlje domaćih životinja. Predavanja ovog modula će biti usredotočena na razumijevanje osnova strukture animalnog genoma. Objasnit će se pojmovi kodiranog i nekodiranog dijela genoma. Razmotriti će se uloga nekodiranih dijelova genoma te uloga ponavljajućih sljedova te njihova zastupljenost kod različitih vrsta domaćih životinja. Predavanja će biti ujedno i teoretski uvod u određene vježbe. Predviđene metode obuhvatit će sve manipulacije s DNA, ekstrakcije ukupne DNA iz različitih materijala (tkivo, krv, sjeme, dlaka,...). Također će biti naglašena važnost molekularnih metoda (RFLP, SSCP, PCR, Real-Time PCR) u analizama genoma domaćih životinja. Studentima će se objasniti osnovni principi određivanja nukleotidnih sljedova (sekvenciranje) putem Sangerove metode te sekvencera II. i III. generacije (deep sequencing) sa primjenom u analizama genoma domaćih životinja. Polaganje ispita provodi se pismeno.



ECTS: **6.00**

English language: **L1**

E-learning: **L1 with L2 elements**

Teaching hours: 60

Lectures: 32

Laboratory exercises: 20

Seminar: 8

Lecturer

- [Prof. Vlatka Čubrić Čurik, PhD](#)
- [PhD. H Ino Čurik](#)
- [Assoc. Prof. Maja Ferenčaković, PhD](#)

Associate teacher for exercises

- [Prof. Vlatka Čubrić Čurik, PhD](#)
- [Ivana Držaić, PhD](#)
- [Asst. Prof. Vladimir Brajković, PhD](#)

Associate teacher for seminars

- [Asst. Prof. Vladimir Brajković, PhD](#)

Grading

Sufficient (2): 61-70%

Good (3): 71-80%

Very good (4): 81-91%

Excellent (5): 92-100%

Conditions for obtaining signature

prisustvo u nastavi >80%

Type of course

- Prijediplomski studij / [Animalne znanosti](#) (Elective course, 6 semester, 3 year)

General competencies

Sadržaj modula osposobljava studente da steknu teorijska znanja iz strukture i analize genoma životinja te da kritički i kreativno razmišljaju o prioritetima u modernom uzgoju životinja te donose zaključke o proučavanju i praćenju populacija njihovih divljih srodnika. Teorijska i praktična znanja u analizama genoma životinja su temelj razumijevanja uzgoja i oplemenjivanja životinja.

Types of instruction

- Predavanja
audiovizualna metoda
- Laboratorijske vježbe
izvode se u laboratoriju i baziraju se na ekstrakcijama DNA i laboratorijskim analizama molekularnih biljega odnosno određivanju slijeda nukleotida (u skupinama od 10 studenata) Studenti samostalno izrađuju i prezentiraju svatko svoj seminar vezan uz odabir vrste životinja i analize i strukture genoma vezanih za tu vrstu.

Learning outcomes

Learning outcome	Evaluation methods
primjenu znanja strukture i analize genoma i primjena takvih znanja u oplemenjivanju životinja	pismeni ispit, usmeni ispit
neophodnu povezanost analiza genoma sa suvremenim uzgojem životinja te praćenjem populacija divljih srodnika domaćih životinja	pismeni ispit, usmeni ispit
važnost primjene znanja strukture i analize genoma u uzgoju i selekciji životinja	pismeni ispit, usmeni ispit
isplanirati redoslijed laboratorijskih aktivnosti i važnost u analizama populacija domaćih životinja i njihovih divljih srodnika	pismeni ispit, usmeni ispit
pripremiti osnovne laboratorijske vježbe u analizi genoma	usmeni ispit
pripremiti izvještaj provođenja laboratorijskih vježbi	usmeni ispit
prezentirati rezultate aktivnosti na predavanjima i laboratorijskim vježbama	usmeni ispit
opisati dobivene rezultate te njihovu važnost u daljnjoj upotrebi suvremenog uzgoja životinja odnosno praćenju populacija divljih srodnika	usmeni ispit

Working methods

Teachers' obligations

redovito održavanje nastave i konzultacija

Students' obligations

redovito pohađanje nastave

Methods of grading

Evaluation elements	Maximum points or Share in evaluation	Grade rating scale	Grade	Direct teaching hours	Total number of average student workload	ECTS
pismeni ispit	90%	0-60% 61-70% 71-80% 81-91% 92-100%	Insufficient (1) Sufficient (2) Good (3) Very good (4) Excellent (5)	50	150	5
usmeni ispit, seminar	10%	0-60% 61-70% 71-80% 81-91% 92-100%	Insufficient (1) Sufficient (2) Good (3) Very good (4) Excellent (5)	10	30	1
Ukupno	100%			60	180	6

Evaluation elements	Description	Deadline	Recoupment
pismeni ispit	gradivo cijelog semestra	redovni rok	
usmeni ispit, seminar	sinteza gradiva cijelog semestra, seminar	redovni rok	

Weekly class schedule

1. Veličina i kompleksnosti animalnog genoma (Usporedba veličina različitih genoma te njihova kompleksnost u odnosu na veličinu). P
2. Osnovna struktura prokariotskog genoma (Veličina i struktura prokariotskih genoma s naglaskom na mikroorganizme koji su u biološkoj vezi sa domaćim životinjama) P
3. Osnovna struktura eukariotskog genoma (Osnovna struktura eukariotskog genoma s naglaskom na genomu sisavaca, odnosno domaćih životinja) P
4. Organelna DNA –mitogenom (Opis organelne DNA u odnosu na nuklearnu te detaljna struktura mitogenoma.) P
5. Metode ekstrakcije DNA (Primjena i načini ekstrakcije DNA iz izvora animalnog porijekla.) P+L
6. Lančana reakcija polimerazom (Lančana reakcija polimerazom, osnovni principi umnažanja, varijacije osnovne PCR-tehnike i primjena.) P+L
7. Metode određivanja nukleotidnih sljedova I. generacije (Povijesni pregled metoda sekvenciranja)P/1. pisana provjera
8. Metode određivanja nukleotidnih sljedova II. generacije (Opis metoda sekvenciranja pomoću tehnologije II. generacije.) P
9. Metode određivanja nukleotidnih sljedova III. generacije (Opis najnovijih metoda sekvenciranja te usporedbe različitih instrumenata i principa sekvenciranja ovisno o željenim rezultatima) P
10. Analiza podataka dobivenih metodama next gene sequencing; (poravnavanje genoma) (Uvod u obradu genoma dobivenih metodama najnovijih metoda sekvenciranja) L,
11. Analiza podataka dobivenih metodama next gene sequencing; (SNP podaci) (Primjena programa za obradu NGS podataka, čišćenje sirovih podataka te priprema baza za daljnju obradu) L,
12. Analiza podataka dobivenih metodama next gene sequencing; (tumačenje rezultata) (Verifikacija rezultata NGS dobivenih primjenom različitih programa te tumačenje obrađenih podataka) L
13. Komparativno pretraživanje baza podataka animalnih genoma (Ulazak u različite svjetske baze podataka za komparativne analize različitih genoma) L
14. Seminarski radovi studenata (Rasprava prema dodijeljenim seminarskim radovima uz power point prezentacije studenata podijeljenih u radne skupine (ocjena će ulaziti u konačni prosjek ocjene).S
15. Seminarski radovi studenata (Rasprava prema dodijeljenim seminarskim radovima uz power point prezentacije studenata podijeljenih u radne skupine (ocjena će ulaziti u konačni prosjek ocjene) S/2. Pisana provjera

Obligatory literature

1. Prezentacije predavanja (200 slide-ova), autor Vlatka Čubrić Čurik
2. Metode u molekularnoj biologiji / Ambriović Ristov, Andreja; Brozović, Anamaria; Bruvo Mađarić, Branka; Četković, Helena; Herak Bosnar, Maja; Hranilović, Dubravka; Katušić Hećimović, Silva; Meštrović Radan, Nevenka; Mihaljević, Snježana; Slade, Neda; Vujaklija, Dušica (ur.). Zagreb : Institut Ruđer Bošković, 2007



Recommended literature

1. Introduction to genetic analysis. AF Griffiths, SR Wessler, RC Lewontin, WM Gelbart, DT Suzuki, JH Miller. ED.W.H.Freeman and Company, NY, 2005
2. A laboratory manual, ED.Cold Spring Harbour Press, NY. Sambbrook, J, D. Russel, 2001

Similar course at related universities

- Sadržaj predmeta tematski se poklapa sa srodnim predmetima na EU Sveučilištima, kao i Sveučilištima Izraela, Kanade, Australije, Novog Zelanda i SAD-a.