

SYLLABUS

1. Puni naziv nastavnog predmeta:

Okolišna DNK u biomonitoringu

2. Skraćeni naziv nastavnog predmeta / šifra:

KBIODNK

3. Ciklus studija:

2

4. Bodovna vrijednost ECTS:

6

5. Status nastavnog predmeta:

☐ Obavezni☒ Izborni

6. Preduslovi za polaganje nastavnog predmeta:

Izvršene predispitne obaveze

7. Ograničenja pristupa:

Studenti II ciklusa studija

8. Trajanje / semestar:

1

1

9. Sedmični broj kontakt sati:

9.1. Predavanja:

2

9.2. Auditorne vježbe:

0

9.3. Laboratorijske / praktične vježbe:

1

10. Fakultet:

Prirodno-matematički fakultet

11. Odsjek / Studijski program:

Biologija/EKOMONITORING I BIOINDIKACIJA VODA

12. Odgovorni nastavnik:

Dr. sc. Adisa Ahmić, vanredni prof

13. E-mail nastavnika:

adisa.ahmic@untz.ba

14. Web stranica:

www.untz.ba

15. Ciljevi nastavnog predmeta:

Upoznati studente sa konceptom okolišne DNK (eDNK) i pristupima korištenja eDNK u biomonitoringu. Upoznati studente sa potrebnim terenskim, laboratorijskim i bioinformatičkim disciplinama za izvođenje eDNK zasnovanim na bioprocjeni specifičnih bioloških elemenata kvaliteta vode (BQEs).

16. Ishodi učenja:

Nakon položenog nastavnog predmeta studenti će biti osposobljeni da:

- imaju široko razumijevanje koncepta DNA zasnovanog na bioprocjeni i morintoringu, eDNK u vode, porijeklo, stanje, transport, skupni uzorci DNK (makroinvertebrati, dijatomeje.
- iskoristit izvore znanja o BQE zaključivanju za interpretaciju podataka;
- razmiju koncept metabarkodiranja, upozanju se sa izvorima referentnih baza podataka, dizajnom prajmera i metodama high throughput illumina sekvenciranja
- steknu potrebne vještine za izolaciju DNK, izvođenje DNK i stvaranje biblioteke sekvenciranih podataka, preuzimanje i analizu podataka metodom visokog propusnog sekvenciranja (eng. high-throughput) u odnosu na ciljane BQE i procjene ekološkog statusa kvalitete sa podacima eDNK

17. Indikativni sadržaj nastavnog predmeta:

Teorijska nastava: Klasični biomonitoring u odnosu na biomonitoring zasnovan na eDNK. PCR/metabarkodiranje/ odabir prajmera. Osnove DNA barkodiranja (pojedinačni uzorci). Metabarkodiranje, PCR, pristrasnost prajmera i polimeraze, očitavanje u odnosu na aktuelnu abudancu i biomasu. Indeksiranje uzoraka. Okolišna DNK (stanje/ sudbina/porijeklo/transport). Bioinformatički pristup, taksonomska dodjela.

Praktična nastava: (e) DNK ekstrakcija Valjanost gel agaroze. PCR (PCR u dva koraka). Agaroze gel PCR validacija. Bibliotekačka priprema (illumina). Analiza podataka sekvenci prijenom samostalnih softvera

18. Metode učenja:

Kao stilovi učenja preferiraju se: verbalni, grupni i samostalni. Najznačajnije metode učenja na predmetu su:

- Predavanja uz upotrebu multimedijalnih sredstava, tehnika aktivnog učenja i uz aktivno učešće i diskusije studenata;
- Laboratorijske vježbe za korištenje laboratorijske opreme i statističkih aplikativnih programa;

Priprema i izlaganje grupnih i individualnih seminarskih radova i prezentacija projektnih ideja.

19. Objašnjenje o provjeri znanja:

Tokom semestra se obavlja kontinuirana provjera znanja kroz neke od narednih aktivnosti: polaganje testova, praćenje aktivnosti studenata i izrada seminarskih radova ili projektnih zadataka. Završni ispit se radi pismeno ili usmeno. Konačnu ocjenu student dobije sabiranjem pojedinačnih bodova dobivenih u svim oblicima provjere znanja u toku semestra.

20. Težinski faktor provjere:

PREDISBITNE OBAVEZE

Studentski projekat, aktivnost ili kolokvij praktične nastave: 20 bodova

Seminarski rad/esej: 20 bodova

Test: 20 bodova

ZAVRŠNI ISPIT: 40 bodova

21. Osnovna literatura:

Osnovna literatura

Taberlet et al. Environmental DNA. For Biodiversity Research and Monitoring. Oxford University Press 2018.

Dodatna literatura

Creer, S., K. Deiner, S. Frey, D. Porazinska, P. Taberlet, W. K. Thomas, C. Potter and H. M. Bik (2016). "The ecologist's field guide to sequence-based identification of biodiversity." *Methods in Ecology and Evolution* 7(9): 1008-1018.Valentini, A., P. Taberlet, C. Miaud, R. Civade, J. Herder, P. F. Thomsen, E. Bellemain, A. Besnard, E. Coissac, F. Boyer, C. Gaboriaud, P. Jean, N. Poulet, N. Roset, G. H. Copp, P. Geniez, D. Pont, C. Argillier, J. M. Baudoin, T. Peroux, A. J. Crivelli, A. Olivier, M. Acqueberge, M. Le Brun, P. R. Moller, E. Willerslev and T. Dejean (2016). "Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding." *Molecular Ecology* 25(4): 929-942.

Elbrecht, V., E. E. Vamos, K. Meissner, J. Aroviita and F. Leese (2017). "Assessing strengths and weaknesses of DNA metabarcoding-based macroinvertebrate identification for routine stream monitorin

22. Internet web reference:**23. U primjeni od akademske godine:**

2021/2022.

24. Usvojen na sjednici NNV/UNV:

08.04.2021.