


KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

 Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY


Nazwa przedmiotu		Kod ECTS	
Zastosowanie metod analiz filogenetycznych w diagnostyce		13.1.0347	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Genetyki			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia
Wydział Biologii	Biologia medyczna	forma	stacjonarne
		moduł	diagnostyka molekularno-biochemiczna
		specjalnościowy	
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
prof. UG, dr hab. Jerzy Sell			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		3	
Wykład, Ćw. audytoryjne		SZACOWANIE CZASU PRACY	
Sposób realizacji zajęć		Praca w kontakcie z nauczycielem:	
zajęcia w sali dydaktycznej		Udział w zajęciach: 30 godzin	
Liczba godzin		Konsultacje: 10 godzin	
Wykład: 15 godz., Ćw. audytoryjne: 15 godz.		Zaliczenie przedmiotu: 3 godziny	
		Praca samodzielna studenta:	
		Przygotowanie do zaliczenia - 32 godzin	
		RAZEM: 75 godzin	
Cykl dydaktyczny			
2016/2017 letni			
Status przedmiotu		Język wykładowy	
fakultatywny (do wyboru)		polski	
Metody dydaktyczne		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne	
<ul style="list-style-type: none">- wykład z prezentacją multimedialną- ćwiczenia audytoryjne - dyskusja- ćwiczenia audytoryjne - metoda projektów (projekt badawczy, wdrożeniowy, praktyczny)- ćwiczenia audytoryjne - praca w grupach- •ćwiczenia audytoryjne: praca w grupach, wspólne opracowanie projektu badawczego (project based learning), dyskusja, przygotowanie prezentacji multimedialnej		Sposób zaliczenia	
		Zaliczenie na ocenę	
		Formy zaliczenia	
		<ul style="list-style-type: none">- ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru- •Wykład: zaliczenie z oceną•Ćw. audytoryjne: zaliczenie z oceną	
		<ul style="list-style-type: none">B. Formy zaliczenia•Wykład: zaliczenie testowe z pytaniami otwartymi i/lub test wyboru•Ćw. audytoryjne: ocena zaliczeniowa na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru- kolokwium	
		Podstawowe kryteria oceny	

Wykład:

- zaliczenie testowe obejmuje materiał z wykładu i ćwiczeń; oceniane jest wg wskaźnika procentowego („Regulamin Studiów UG”)

Ćwiczenia audytoryjne:

- Realizacja projektu – oceniane będą poszczególne stadia realizacji projektu, systematyczność i zaangażowanie studenta, poprawność merytoryczna, sposób przygotowania i przedstawienia wyników w postaci prezentacji multimedialnej, zakres wyczerpania tematu;
- ocena zaliczeniowa z ćwiczeń: za poszczególne etapy realizacji projektu i prezentację multimedialną przyznawane są oceny/punkty, suma zdobytych punktów/ocen przeliczana jest na ocenę końcową wg wskaźnika procentowego („Regulamin Studiów UG”); w przypadku braku wystarczającej liczby punktów na zaliczenie z ćwiczeń student zobowiązany jest napisać kolokwium (test i pytania otwarte) z całego materiału obejmującego ćwiczenia

Ocena końcowa – średnia arytmetyczna ocen z ćwiczeń i wykładu

Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia**Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi****A. Wymagania formalne**

brak

B. Wymagania wstępne

brak

Cele kształcenia

Zapoznanie studentów z metodami diagnostycznymi opartymi na analizie sekwencji kwasów nukleinowych. Poznanie metod molekularnych i statystycznych umożliwiających identyfikację osobników/genotypów i ocenę zróżnicowania genetycznego. Poznanie podstawowych etapów analizy danych sekwencyjnych. Kształtowanie umiejętności konstruowania drzew relacji filogenetycznych w oparciu o dane molekularne; dostarczenie informacji umożliwiających zrozumienie mechanizmów, wad i zalet oraz zastosowań podstawowych metod analiz filogenetycznych. Poznanie podstawowych programów komputerowych niezbędnych do przeprowadzenia analiz filogenetycznych.

Treści programowe**A. Problematyka wykładu**

Zakres zastosowań analiz filogenetycznych: m.in. weterynaria, epidemiologia, typowanie mikroorganizmów, medycyna sądowa, ochrona środowiska, przemysł spożywczy. Wykorzystanie markerów DNA do genotypowania i oceny polimorfizmu. Problematyka doboru odpowiedniego markera molekularnego. Związek polimorfizmu genetycznego z zachorowalnością i efektywnością leczenia. Molekularne metody identyfikacji mikroorganizmów. Barcoding. Filogenetyka porównawcza. Podstawowe pojęcia stosowane w rekonstrukcji filogenezy. Typy matryc danych. Przegląd metod stosowanych w analizach filogenetycznych. Modele ewolucji sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, problem znalezienia najlepszego drzewa, trudności w rekonstrukcji filogenezy i jej wiarygodność.

B. Problematyka ćwiczeń / konwersatorium / laboratorium

Analiza danych molekularnych. Konstrukcja kladogramów: metody algorytmiczne i metody oparte o kryterium optymalizacji. Analizy sieciowe. Bank Genów jako źródło informacji: analizy polimorfizmu genetycznego (m.in. wirusów HBV, HPV, HIV) i identyfikacja gatunkowa; określanie pokrewieństwa, subtypów, śledzenie źródeł i dróg zakażeń i rozprzestrzenianie się wirusów na przykładzie wirusa HIV. Etapy komputerowej analizy filogenetycznej danych sekwencyjnych. Przegląd programów komputerowych wykorzystywanych do analiz filogenetycznych. Korzystanie z literatury naukowej z zakresu genetyki populacyjnej i ewolucyjnej. Planowanie i wykonywanie prostych zadań badawczych z zakresu diagnostyki, genetyki populacyjnej i ewolucyjnej pod kierunkiem opiekuna.

Wykaz literatury**A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):****A.1. wykorzystywana podczas zajęć**

- Baxevanis A. D., Queller B. F. F. (red.). 2005. Bioinformatyka, Wydawnictwo Naukowe PWN, Wa-wa
- Brown T. A. 2001. Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN, Wa-wa

A.2. studiowana samodzielnie przez studenta

- Futuyma E. J. 2008. Ewolucja. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Wa-wa.
- Hall B.G. Łatwe drzewa filogenetyczne. 2008. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, Wa-wa.

B. Literatura uzupełniająca

- artykuły publikowane w aktualne czasopisma naukowe o zasięgu światowym
- Felsenstein J. 2004. Inferring Phylogenies. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Graur D., Wen-Hsiung L. 2000. Fundamentals of Molecular Evolution. Second Edition. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Hall B.G. 2004. Phylogenetic trees made easy: A how to manual. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Hills D. M. i in. (red.). 1996. Molecular systematic. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Salemi M. Vandamme A.M. 2003. The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogenetics. Cambridge University Press

Efekty kształcenia (obszarowe i kierunkowe) Efekty kształcenia z obszaru nauk przyrodniczych: PIA_W03, PIA_W02, PIA_W06, PIA_W07, P1A_U05, P1A_U08, P1A_K01, P1A_K07 Efekty kształcenia z obszaru nauk medycznych, nauk o zdrowiu oraz nauk o kulturze fizycznej: M1_K01 Efekty dla kierunku Biologia medyczna UG: BM_W08, BM_W13, BM_W14, BM_W16, BM_U04, BM_U14, BM_K01,	Wiedza <ul style="list-style-type: none"> • identyfikuje narzędzia bioinformatyczne stosowane w analizach filogenetycznych, mające zastosowanie w diagnostyce molekularno-biochemicznej BM_W08 • prezentuje podstawowe metody analiz filogenetycznych rozumie ich znaczenie w interpretacji zjawisk i procesów biologicznych BM_W13 • zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w diagnostyce molekularno-biochemicznej BM_W14 • objaśnia podstawy teoretyczne technik badawczych stosowanych do analiz zmienności genetycznej i zna ich zastosowanie w biologii medycznej i diagnostyce BM_W16
	Umiejętności <ul style="list-style-type: none"> • stosuje metody statystyczne oraz techniki i narzędzia bioinformatyczne do analizy danych molekularnych; wybiera odpowiedni program komputerowy i metodę, w zależności od posiadanych danych wyjściowych, przeprowadza prostą analizę filogenetyczną BM_U04 • potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych BM_U14
	Kompetencje społeczne (postawy) <ul style="list-style-type: none"> • rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich zastosowania w biologii medycznej BM_K01
Kontakt jerzy.sell@biol.ug.edu.pl	