


KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

 Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY


Nazwa przedmiotu		Kod ECTS	
Metody filogenetyki molekularnej		13.1.0515	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Faculty of Biology			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia
Wydział Biologii	Biologia	forma	stacjonarne
		moduł	wszystkie
		specjalnościowy	wszystkie
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
dr Marcin Górniak; mgr Agata Mieszkowska			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		2	
Ćw. laboratoryjne		Szacowanie czasu pracy	
Sposób realizacji zajęć		Udział w zajęciach - 30 godzin	
zajęcia w sali dydaktycznej		konsultacje - 2 godziny	
Liczba godzin		zaliczenie przedmiotu - 2 godziny	
Ćw. laboratoryjne: 30 godz.		Samodzielna praca studenta - 16 godzin	
		Razem: 50 godzin	
Cykl dydaktyczny			
2017/2018 letni			
Status przedmiotu	Język wykładowy		
fakultatywny (do wyboru)	polski		
Metody dydaktyczne	Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne		
	Sposób zaliczenia		
	Zaliczenie na ocenę		
	Formy zaliczenia		
	- wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja		
- ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen częściowych			
otrzymywanych w trakcie trwania semestru			
- kolokwium			
Podstawowe kryteria oceny			
• oceny częściowe otrzymywane w trakcie trwania semestru - 30%			
• wykonanie pracy zaliczeniowej - 30%			
• kolokwium - 40% (zaliczenie obejmuje materiał z ćwiczeń audytoryjnych)			
• zaliczenie pisemne oceniane jest wg wskaźnika procentowego ("Regulamin Studiów UG")			
Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia			

zakładany efekt kształcenia	ćwiczenia laboratoryjne w sali komputerowej
	Wiedza
B_W04	Test zawierający pytania otwarte i zamknięte, sprawdzian praktyczny
B_W12	Karty pracy, quizy
	Umiejętności
B_U03	Projekt (koncepcja i realizacja)
B_U04	Test umiejętności (praktyczny)
B_U05	Test umiejętności (praktyczny)
B_U07	Karta obserwacji pracy studenta
	Kompetencje
B_K03	Ocena pracy zespołu, ankieta samooceny pracy w zespole
B_K06	Opinia prowadzącego, opiekuna

Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi**A. Wymagania formalne**

brak

B. Wymagania wstępne

brak

Cele kształcenia

Zapoznanie studentów z technikami i metodami bioinformatycznymi stosowanymi w badaniach ewolucyjnych i filogenetycznych.

Treści programowe

Ewolucja molekularna w ujęciu bioinformatycznym. Szacowanie dywergencji linii filogenetycznych metodą zegara molekularnego. Zastosowanie metod bioinformatycznych oraz specjalistycznego oprogramowania (np. MEGA, Armadillo, Seaview, BEAST, MrBayes) do odtworzenia filogenezy taksonów. Analiza drzew filogenetycznych: charakterystyka i interpretacja, szacowanie wiarygodności topologii drzewa, detekcja zjawiska duplikacji genów, zjawisko niekompletnego sortowania linii filogenetycznych, zjawiska przyciągania długich gałęzi, hybrydyzacji, problem grupy zewnętrznej.

Wykaz literatury

1. Łatwe drzewa filogenetyczne. Hall Barry (2008) Warszawa, Wyd. UW
2. Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Avise John C (2008) Warszawa. Wyd. UW
3. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Paul G. Higgins, Tersa K. Attwood (2008) Warszawa, PWN
4. Bioinformatyka-podręcznik do analizy genów i białek. A.D. Baxevanisa i B.F.F. Ouellette'a (2004) Warszawa PWN
5. Ewolucja. Douglas J. Futuyma (2008) Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego

Efekty kształcenia (obszarowe i kierunkowe)

Efekty kształcenia dla obszarów studiów przyrodniczych:

PIA_W01, PIA_W05, PIA_W06, P1A_U04, P1A_U05, P1A_U03, P1A_U07, P1A_K02, P1A_K06

Efekty kształcenia dla kierunku biologia UG:

B_W04, B_W12, B_U03, B_U04, B_U05, B_U07, B_K03, B_K06

Wiedza

Student zna:

1. Zasady działania programów do analiz bioinformatycznych (B_W12).
2. Wybrane metody konstrukcji i interpretacji drzew filogenetycznych opartych o sekwencje DNA i białek (B_W12).
3. Zasady ewolucji sekwencji, struktury i funkcji DNA (B_W04).

Umiejętności

Student potrafi:

1. Wykorzystać zjawisko insercji-delecji w matrycy sekwencji do wzmocnienia sygnału filogenetycznego. (B_U04).
2. Identyfikować zjawiska wpływające na błędne oszacowanie filogenezy (B_U05).
3. Edytować i dopasować oraz pozyskać z banku danych homologiczne sekwencje DNA (B_U03, B_U07).
4. Konstruować, opisać i interpretować drzewa filogenetyczne (B_U04).

Kompetencje społeczne (postawy)

Student potrafi pracować w grupie oraz samodzielnie (B_K03).
Student jest odpowiedzialny za powierzony sprzęt (B_K06).

Kontakt

marcin.gorniak@biol.ug.edu.pl