


KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

 Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY


Nazwa przedmiotu			Kod ECTS
Wprowadzenie do analiz filogenetycznych			13.1.1173
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Pracownia Genetyki			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	drugiego stopnia
Wydział Biologii	Biologia	forma	stacjonarne
		moduł	biologia molekularna i komórkowa, genetyka i biologia eksperymentalna
		specjalnościowy	
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
prof. UG, dr hab. Anna Wysocka			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin			Liczba punktów ECTS
Formy zajęć			3 Praca w kontakcie z nauczycielem: Udział w wykładach - 15 godzin Udział w ćwiczeniach - 15 godzin Udział w zaliczeniu pisemnym - 2 godzina Udział w konsultacjach - 10 godzin Samodzielna praca studenta: Przygotowanie do zaliczenia i wykonanie zadań- 33 godzin RAZEM: 75 godzin
Sposób realizacji zajęć			
zajęcia on-line, zajęcia w sali dydaktycznej			
Liczba godzin			
Ćw. laboratoryjne: 15 godz., Wykład: 15 godz.			
Termin realizacji przedmiotu			
2022/2023 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		
	- Egzamin		
	Formy zaliczenia		
	zaliczenie w formie testowej z pytaniami otwartymi		
	Podstawowe kryteria oceny		
	•Wykład: zaliczenie testowe z pytaniami otwartymi i/lub test wyboru; ocenie podlega także aktywność studenta oraz udział w dyskusji		
	•Ćwiczenia: ocena zaliczeniowa na podstawie ocen częściowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru		
	- opracowanie projektu badawczego		
	- wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja		
	ustalenie		
	- ocenie podlega także aktywność studenta oraz udział w dyskusji; wartość merytoryczna i klarowność wypowiedzi, argumentacja wnioskowania		
Sposób weryfikacji założonych efektów uczenia się			

zakładany efekt kształcenia	Wykład z prezentacją multimedialną	Ćwiczenia laboratoryjne
	Wiedza	
B2_W01	test (poprawność odpowiedzi na pytania)	
B2_W04	test (poprawność odpowiedzi na pytania)	
B2_W05	test (poprawność odpowiedzi na pytania)	
	Umiejętności	
B2_U01		karta pracy, obserwacja bieżącej pracy studenta
B2_U03		karta pracy, obserwacja bieżącej pracy studenta
B2_U05		karta pracy, obserwacja bieżącej pracy studenta
	Kompetencje	
B2_K01	obserwacja i ocena postaw studenta	

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 w diagnostyce. Poznanie podstawowych programów komputerowych niezbędnych do przeprowadzenia analiz filogenetycznych.

Treści programowe**A. Problematyka wykładu:**

Zastosowanie analiz filogenetycznych. Podstawowe pojęcia stosowane w rekonstrukcji filogenezy, porównanie technik analizy fenetycznej i kladystycznej, konstrukcja kladogramów, typy matryc danych, metody algorytmiczne i metody oparte o kryterium optymalizacji, analizy sieciowe, modele ewolucji sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, problem znalezienia najlepszego drzewa, trudności w rekonstrukcji filogenezy i jej wiarygodność, etapy komputerowej analizy filogenetycznej danych sekwencyjnych, przegląd programów komputerowych wykorzystywanych do analiz filogenetycznych.

B. Problematyka ćwiczeń / konwersatorium / laboratorium

Analiza danych molekularnych. Bank Genów jako źródło informacji: analizy polimorfizmu genetycznego i identyfikacja gatunkowa; określanie pokrewieństwa, 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.

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

Artykuły naukowe dostarczone przez prowadzącego

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 aktualnych czasopiśmie 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.

Aktualna literatura dostarczona przez prowadzącego zajęcia lub zaproponowana przez studentów

Kierunkowe efekty uczenia się**Przedmiot realizuje:**

Efekty dla kierunku Biologia UG:

B2_W01, B2_W04, B2_W05,
B2_U01, B2_U03, B2_U05,
B2_K01

Wiedza

- zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w praktyce, objaśnia zasady działania podstawowych metod analiz filogenetycznych (B2_W01 i B2_W04)
- rozumie wady, zalety i ograniczenia zastosowania poszczególnych metod analiz filogenetycznych (B2_W05)

Umiejętności

	<ul style="list-style-type: none">-potrafi przeprowadzić prostą analizę danych sekwencyjnych (B2_U01)- wybiera odpowiedni program komputerowy i metodę analiz filogenetycznych w zależności od posiadanych danych wyjściowych (B2_U05)- potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych (B2_U03)
	Kompetencje społeczne (postawy) rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich praktycznego zastosowania (B2_K01)
Kontakt	
anna.wysocka@ug.edu.pl	