



KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY



Nazwa przedmiotu		Kod ECTS	
Filogeneza w praktyce		13.1.1009	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	drugiego stopnia
Wydział Biologii	Biologia	forma	stacjonarne
		moduł	biologia środowiskowa, biologia molekularna i komórkowa, genetyka i
		specjalnościowy	biologia eksperymentalna
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
dr Marcin Górniak			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		2	
Ćw. audytoryjne		Praca w kontakcie z nauczycielem:	
Sposób realizacji zajęć		Udział w ćwiczeniach - 30 godzin	
zajęcia w sali dydaktycznej		Udział w zaliczeniu pisemnym - 1 godzina	
Liczba godzin		Udział w konsultacjach- 6 godzin	
Ćw. audytoryjne: 30 godz.		Samodzielna praca studenta:	
		Przygotowanie do zaliczenia i wykonanie zadań- 13 godzin	
		RAZEM: 50 godzin	
Termin realizacji przedmiotu			
2022/2023 zimowy			
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		
	zaliczenie w formie testowej z pytaniami otwartymi		
	Podstawowe kryteria oceny		
B. Formy zaliczenia			
• zaliczenie testowe z pytaniami otwartymi i/lub test wyboru;			
•ocena zaliczeniowa na podstawie ocen cząstkowych 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	Test	Karta pracy	Dyskusja	Praca studenta
	Wiedza			
B2_W01	poprawność odpowiedzi na pytania		karta oceny dyskusji	
B2_W04	poprawność odpowiedzi na pytania		karta oceny dyskusji	
B2_W05	poprawność odpowiedzi na pytania		karta oceny dyskusji	
	Umiejętności			
B2_U01		+		obserwacja bieżącej pracy studenta
B2_U03	poprawność odpowiedzi na pytania		karta oceny dyskusji	
B2_U05		+		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

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.

Analiza danych molekularnych. Bank Genów jako źródło informacji: analizy polimorfizmu genetycznego (m.in. wirusów Sars-CoV2, HIV) i identyfikacja gatunkowa; określanie pokrewieństwa, subtypów, śledzenie źródeł i dróg zakażeń i rozprzestrzenianie się wirusów na przykładzie wirusów (w tym 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.

B. Literatura uzupełniająca

Aktualna literatura dostarczona przez prowadzącego zajęcia lub zaproponowana przez studentów

Kierunkowe efekty uczenia się

Wiedza

<p>efekty dla kierunku Biologia UG: B2_W01, B2_W04, B2_W05, B2_U01, B2_U03, B2_U05, B2_K01</p>	<ul style="list-style-type: none"> - 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)
	<p>Umiejętności</p> <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)
	<p>Kompetencje społeczne (postawy)</p> <p>rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich praktycznego zastosowania (B2_K01)</p>
<p>Kontakt</p> <p>marcin.gorniak@ug.edu.pl</p>	