



**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			
2023/2024 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"> <li>- zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w praktyce, objaśnia zasady działania podstawowych metod analiz filogenetycznych (B2_W01 i B2_W04)</li> <li>- rozumie wady, zalety i ograniczenia zastosowania poszczególnych metod analiz filogenetycznych (B2_W05)</li> </ul>
	<p><b>Umiejętności</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>-potrafi przeprowadzić prostą analizę danych sekwencyjnych (B2_U01)</li> <li>- wybiera odpowiedni program komputerowy i metodę analiz filogenetycznych w zależności od posiadanych danych wyjściowych (B2_U05)</li> <li>- potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych (B2_U03)</li> </ul>
	<p><b>Kompetencje społeczne (postawy)</b></p> <p>rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich praktycznego zastosowania (B2_K01)</p>
<p><b>Kontakt</b></p> <p>marcin.gorniak@ug.edu.pl</p>	