



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	molekularna, toksykologia środowiska wodnego, neurofizjologia,
		specjalnościowy	mikrobiologia, biotechnologia roślin, grzybów i porostów, taksonomia i filogeografia, ekologia zwierząt, biologia molekularna, ekologia roślin i ochrona przyrody, parazytologia, biologia medyczna, hydrobiologia, środowiskowa, embriologia i cytologia roślin, paleoekologia i archeobotanika, genetyka ewolucyjna, Podstawowa, eksperymentalna
		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	
Wykład, Ćw. laboratoryjne		Praca w kontakcie z nauczycielem:	
Sposób realizacji zajęć		Udział w wykładach - 15 godzin	
zajęcia on-line, zajęcia w sali dydaktycznej		Udział w ćwiczeniach - 15 godzin	
Liczba godzin		Udział w zaliczeniu pisemnym - 2 godzina	
Wykład: 15 godz., Ćw. laboratoryjne: 15 godz.		Udział w konsultacjach - 10 godzin	
		Samodzielna praca studenta:	
		Przygotowanie do zaliczenia i wykonanie zadań- 33 godzin	
		RAZEM: 75 godzin	
Termin realizacji przedmiotu			
2021/2022 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">- Analiza zdarzeń krytycznych (przypadków)- Praca w grupach- Wykład konwersatoryjny- Wykład z prezentacją multimedialną		Sposób zaliczenia	
		<ul style="list-style-type: none">- Zaliczenie na ocenę- Egzamin	
		Formy zaliczenia	
		zaliczenie w formie testowej z pytaniami otwartymi	
		Podstawowe kryteria oceny	
		<ul style="list-style-type: none">•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 cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru- opracowanie projektu badawczego- wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja	
		ustalenie	
		<ul style="list-style-type: none">- ocenie podlega także aktywność studenta oraz udział w dyskusji; wartość merytoryczna i klarowność wypowiedzi, argumentacja wnioskowania	
Sposób weryfikacji założonych efektów uczenia się			

B2_W01, B2_W04, B2_W05 - test (poprawność odpowiedzi na pytania); karta oceny dyskusji

B2_U01, B2_U05 - karta pracy, obserwacja bieżącej pracy studenta

B2_U03 - test (poprawność odpowiedzi na pytania); karta oceny dyskusji

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

- 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