


KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

 Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY


Nazwa przedmiotu			Kod ECTS
Zastosowanie metod analiz filogenetycznych w diagnostyce			13.1.0611
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Pracownia Genetyki			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia
Wydział Biologii	Biologia medyczna	forma	stacjonarne
		moduł	diagnostyka molekularno-biochemiczna
		specjalnościowy	wszystkie
specjalizacja			
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
prof. UG, dr hab. Anna Wysocka; prof. dr hab. Marek Ziętara; Michalina Kijowska			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin			Liczba punktów ECTS
Formy zajęć			3 SZACOWANIE CZASU PRACY Praca w kontakcie z nauczycielem: Udział w zajęciach: 30 godzin Konsultacje: 10 godzin Zaliczenie przedmiotu: 3 godziny Praca samodzielna studenta: Przygotowanie do zaliczenia - 32 godzin RAZEM: 75 godzin
Sposób realizacji zajęć			
zajęcia on-line, zajęcia w sali dydaktycznej			
Liczba godzin			
Wykład: 15 godz., Ćw. laboratoryjne: 15 godz.			
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">- Dyskusja- Metoda projektów (projekt badawczy, wdrożeniowy, praktyczny)- Wykład z prezentacją multimedialną- opcjonalnie zajęcia w trybie on-line- •ćwiczenia laboratoryjne: praca w grupach, wspólne opracowanie projektu badawczego (project based learning), dyskusja, przygotowanie prezentacji multimedialnej		Sposób zaliczenia	
		Zaliczenie na ocenę	
		Formy zaliczenia	
		<ul style="list-style-type: none">- wykonanie pracy zaliczeniowej - projekt lub prezentacja- egzamin pisemny z pytaniami (zadaniami) otwartymi- ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen częściowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru- kolokwium- egzamin pisemny (dłuższa wypowiedź pisemna / rozwiązanie problemu)	
		Podstawowe kryteria oceny	

Wykład:

- zaliczenie testowe obejmuje materiał z wykładu i ćwiczeń; oceniane jest wg wskaźnika procentowego („Regulamin Studiów UG”)
- możliwość uzyskania dodatkowych punktów za aktywność w wykładzie

Ćwiczenia audytoryjne:

- Realizacja projektu – oceniane będzie poprawność wykonania poszczególnych stadiów realizacji projektu oraz raporty, systematyczność i zaangażowanie studenta w wykonanie projektu, poprawność merytoryczną, sposób przygotowania i przedstawienia wyników w postaci prezentacji multimedialnej, zakres wyczerpania tematu;
- ocena zaliczeniowa z ćwiczeń: za powyższe składowe niezbędne do zrealizowania projektu przyznawane będą oceny/punkty, suma zdobytych punktów/ocen przeliczana będzie na ocenę końcową wg wskaźnika procentowego („Regulamin Studiów UG”); w przypadku braku wystarczającej liczby punktów na zaliczenie z ćwiczeń student zobowiązany jest napisać kolokwium (test i pytania otwarte) z całego materiału obejmującego ćwiczenia
- warunkiem uzyskania zaliczenia z ćwiczeń jest poprawne wykonanie zestawów zadań przewidzianych na ćwiczeniach

Kryteria dodatkowe:

- warunkiem zaliczenia przedmiotu jest uzyskanie pozytywnej oceny za raport z pracy wykonanej na ćwiczeniach w terminie ustalonym przez Prowadzącego
- Uczestniczenie w zajęciach - warunkiem zaliczenia jest uczestnictwo w co najmniej 80% wykładów. W przypadku nieobecności na zajęciach Student powinien usprawiedliwić tę nieobecność zgłaszając się do Prowadzącego w terminie 7 dni - licząc od dnia zakończenia zwolnienia lekarskiego lub od dnia, w którym opuścił zajęcia z innej przyczyny. Student ma obowiązek uzupełnić braki w wiedzy i umiejętnościach, spowodowane nieobecnością na wykładach, we własnym zakresie, natomiast braki w wiedzy i umiejętnościach, spowodowane nieobecnością na ćwiczeniach, w sposób wskazany bezpośrednio przez Prowadzącego zajęcia.
- w celu ustalenia sposobu weryfikacji uzupełnionej wiedzy i umiejętnościach należy skonsultować się z Prowadzącym
- z uwagi na zablokowaną formę ćwiczeń (3 spotkania w semestrze) nieobecność na ćwiczeniach skutkuje ich niezaliczeniem
- w wyjątkowych sytuacjach wynikających z przyczyn zdrowotnych lub poważnych zdarzeń losowych dopuszczalna jest możliwość odrobienia jednych ćwiczeń w ramach tego samego zakresu tematycznego, po uprzednim uzgodnieniu tego z Prowadzącymi

Sposób weryfikacji założonych efektów uczenia się

Wiedza

BM_W14 testy pisemne (egzamin, kolokwia, wejściówki); karta oceny prezentacji

BM_W16 testy pisemne (egzamin, kolokwie, wejściówki); karta oceny prezentacji

Umiejętności

BM_U04 rozwiązywanie zadań problemowych; obserwacja bieżącej pracy studenta

BM_U08 rozwiązywanie zadań problemowych; obserwacja bieżącej pracy studenta; karta oceny prezentacji

Kompetencje

BM_K01 obserwacja 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**

Zakres zastosowań analiz filogenetycznych: m.in. weterynaria, epidemiologia, typowanie mikroorganizmów, medycyna sądowa, ochrona środowiska, przemysł spożywczy. Wykorzystanie markerów DNA do genotypowania i oceny polimorfizmu. Problematyka doboru odpowiedniego markera molekularnego. Związek polimorfizmu genetycznego z zachorowalnością i efektywnością leczenia. Molekularne metody identyfikacji mikroorganizmów. Barcoding. Filogenetyka porównawcza. Podstawowe pojęcia stosowane w rekonstrukcji filogenezy. Typy matryc danych. Przegląd metod stosowanych w analizach filogenetycznych. Modele ewolucji sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, problem znalezienia najlepszego drzewa, trudności w rekonstrukcji filogenezy i jej wiarygodność.

B. Problematyka ćwiczeń / konwersatorium / laboratorium

Analiza danych molekularnych. Konstrukcja kladogramów: metody algorytmiczne i metody oparte o kryterium optymalizacji. Analizy sieciowe. Bank Genów jako źródło informacji: analizy polimorfizmu genetycznego (m.in. wirusów HBV, HPV, 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. Korzystanie z literatury naukowej z zakresu genetyki populacyjnej i ewolucyjnej. Planowanie i wykonywanie prostych zadań badawczych z zakresu diagnostyki, genetyki populacyjnej i ewolucyjnej pod kierunkiem opiekuna.

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

- Baxevanis A. D., Queller B. F. F. (red.). 2005. Bioinformatyka, Wydawnictwo Naukowe PWN, Wa-wa
- Brown T. A. 2001. Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN, Wa-wa

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 aktualne czasopisma 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.
- Hills D. M. i in. (red.). 1996. Molecular systematics. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Salemi M. Vandamme A.M. 2003. The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogenetics. Cambridge University Press

Kierunkowe efekty uczenia się

Efekty kształcenia z obszaru nauk przyrodniczych:

PIA_W02, PIA_W06, PIA_W07, P1A_U05, P1A_U08, P1A_K01, P1A_K07

Efekty kształcenia z obszaru nauk medycznych, nauk o zdrowiu oraz nauk o kulturze fizycznej: M1_U08, M1_K01

Efekty dla kierunku Biologia medyczna UG: BM_W14, BM_W16, BM_U04, BM_U08, BM_K01,

Wiedza

- zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w diagnostyce molekularno-biochemicznej BM_W14
- objaśnia podstawy teoretyczne technik badawczych stosowanych do analiz zmienności genetycznej i zna ich zastosowanie w biologii medycznej i diagnostyce BM_W16

Umiejętności

- stosuje metody statystyczne oraz techniki i narzędzia bioinformatyczne do analizy danych molekularnych; wybiera odpowiedni program komputerowy i metodę, w zależności od posiadanych danych wyjściowych, przeprowadza prostą analizę filogenetyczną BM_U04
- potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych BM_U08

Kompetencje społeczne (postawy)

- rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich zastosowania w biologii medycznej BM_K01

Kontakt