

Nazwa przedmiotu			Kod ECTS
WPROWADZENIE DO ANALIZ FILOGENETYCZNYCH			13.1.0101
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Genetyki			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	drugiego stopnia
Wydział Biologii	Biologia	forma	stacjonarne
		moduł	wszystkie
		specjalnościowy	wszystkie
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
prof. UG, dr hab. Jerzy Sell; dr Adrianna Kilikowska			
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 wykładach - 30 godzin Udział w egzaminie – 2 godziny Udział w konsultacjach – 5 godzin Samodzielna praca studenta: Przygotowanie do egzaminu - 38 godzin RAZEM: 75 godzin
Wykład			
Sposób realizacji zajęć			
zajęcia w sali dydaktycznej			
Liczba godzin			
Wykład: 30 godz.			
Cykl dydaktyczny			
2015/2016 letni			
Status przedmiotu	Język wykładowy		
fakultatywny (do wyboru)	polski		
Metody dydaktyczne	Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne		
wykład z prezentacją multimedialną	Sposób zaliczenia		
	Egzamin		
	Formy zaliczenia		
	egzamin pisemny testowy		
	Podstawowe kryteria oceny		
			<ul style="list-style-type: none">egzamin obejmuje materiał z wykładuegzamin pisemny oceniany jest wg wskaźnika procentowego („Regulamin Studiów UG”)
Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia			
zakładany efekt kształcenia	wykład z prezentacją multimedialną		
	Wiedza		
B2_W01	test pisemny (egzamin)		
B2_W04	test pisemny (egzamin)		
	Umiejętności		
B2_U01	test pisemny (egzamin)		
B2_U05	rozwiązanie zadania problemowego		
	Kompetencje		
B2_K07	rozwiązanie zadania problemowego		
Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi			
A. Wymagania formalne			
Odbyte kursy: Genetyka, Biologia molekularna, Mechanizmy ewolucji (na studiach I stopnia)			

B. Wymagania wstępne brak	
Cele kształcenia Zapoznanie studentów z problematyką koncepcji gatunku i na tym tle z mechanizmami procesów specjacyjnych. Poznanie podstawowych etapów analizy danych sekwencyjnych. Kształtowanie umiejętności konstruowania drzew relacji filogenetycznych w oparciu o dane morfologiczne i molekularne; dostarczenie informacji umożliwiających zrozumienie mechanizmów, wad i zalet oraz zastosowań podstawowych metod analiz filogenetycznych. Poznanie podstawowych programów komputerowych niezbędnych do przeprowadzenia analiz filogenetycznych.	
Treści programowe Koncepcje gatunku, mono-, orto-, para- i polifiletyzm. Taksonomia klasyczna, ewolucyjna, fenetyczna i filogenetyczna. Cechy – homologie i homoplazje, polaryzacja, serie transformacyjne, homologia dla cech molekularnych. 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.	
Wykaz literatury A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu): A.1. wykorzystywana podczas zajęć Baxevanis A. D., Quellerie B. F. F. (red.). 2005. Bioinformatyka, Wydawnictwo Naukowe PWN, Wa-wa Falniowski A. 2003. Metody numeryczne w taksonomii. Wydawnictwo UJ, Kraków. 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 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. Hennig W. 1966. Phylogenetic Systematics. University of Illinois Press, Urbana IL. Hills D. M. i in. (red.). 1996. Molecular systematic. Sinauer Associates, Sunderland, MA. Salemi M. Vandamme A.M. 2003. The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny. Cambridge University Press	
Efekty kształcenia (obszarowe i kierunkowe) Przedmiot realizuje: Efekty z obszaru nauk przyrodniczych: P2A_W01, P2A_W04, P2A_U01, P2A_U05 Efekty dla kierunku Biologia UG: B2_W01, B2_W04, B2_U01, B2_U05, B2_K07	Wiedza - objaśnia podstawy teoretyczne podstawowych metod analiz filogenetycznych (B2_W04) - wyjaśnia założenia podstawowych koncepcji gatunku na tle mechanizmów procesów specjacyjnych (B2_W01) - rozumie wady, zalety i ograniczenia zastosowania poszczególnych metod analiz filogenetycznych (B2_W04)
	Umiejętności - potrafi teoretycznie przeprowadzić prostą analizę danych sekwencyjnych (B2_U01) - konstruuje prosty kladogram na podstawie danych morfologicznych (B2_U05) - wybiera odpowiedni program komputerowy i metodę analiz filogenetycznych w zależności od posiadanych danych wyjściowych (B2_U01)
	Kompetencje społeczne (postawy) - zachowuje krytycyzm w kwestii interpretacji wyników analiz filogenetycznych (B2_K07)
Kontakt jerzy.sell@biol.ug.edu.pl	