

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Taksonomia molekularna organizmów morskich - ćw. laboratoryjne (Ćw. laboratoryjne), PG_00120314						
Kierunek studiów	Oceanografia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2024/2025		
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć			Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć fakultatywnych		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	1	Język wykładowy			polski Zajęcia mogą również prowadzone być w języku angielskim		
Semestr studiów	1	Liczba punktów ECTS			2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Wydział Oceanografii i Geografii -> Katedra Funkcjonowania Ekosystemów Morskich						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Filip Pniewski				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		dr Filip Pniewski				
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	30.0	0.0	0.0	30
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
	Dodatkowe informacje: Analiza tekstów z dyskusją Wykonywanie doświadczeń Komputerowa analiza danych						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów		Udział w konsultacjach		Praca własna studenta	RAZEM
	Liczba godzin pracy studenta	30		5.0		25.0	60
Cel przedmiotu	Przygotowanie studentów do korzystania z nowoczesnych metod molekularnych w badaniach ewolucji i taksonomii organizmów morskich. Stworzenie podstaw do krytycznego wnioskowania na temat przydatności tych metod oraz umiejętnej oceny i interpretacji uzyskanych wyników [forma zajęć: ćwiczenia laboratoryjne i audytoryjne].						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[OCEANMU2-W04] zna i rozumie w pogłębionym stopniu najnowsze trendy badań z zakresu oceanografii a także możliwości praktycznego zastosowania osiągnięć naukowych	Zna i rozumie w pogłębionym stopniu techniki, metody badawcze oraz narzędzia (matematycznych, statystycznych, informatycznych) wykorzystywane w celu opisu ewolucji i pokrewieństwa organizmów morskich (treści programowe: 1-4)	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[OCEANMU2-K05] jest gotów do stosowania się do zasad bezpieczeństwa i higieny pracy, dbania o powierzony mu sprzęt specjalistyczny oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia i podejmowania odpowiednich działań	Jest gotów do stosowania się do zasad bezpieczeństwa i higieny pracy w laboratorium biologii molekularnej, dbania o powierzony mu sprzęt specjalistyczny oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia w pracy z odczynnikami i sprzętem stosowanym w badaniach nad filogenetyką organizmów morskich (treści programowe: 1)	[SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[OCEANMU2-U04] potrafi w sposób analityczny i syntetyczny opracować wyniki badań i analiz oraz na ich podstawie prowadzić poprawne wnioskowanie	Potrafi w sposób analityczny i syntetyczny opracować wyniki badań i analiz filogenetycznych oraz na ich podstawie prowadzić poprawne wnioskowanie dotyczące ewolucji i pokrewieństwa organizmów morskich (treści programowe: 1-4)	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport
[OCEANMU2-U03] potrafi samodzielnie zaplanować i przeprowadzić zaawansowane badania i pomiary, zarówno w terenie jak i laboratorium, z wykorzystaniem odpowiednio dobranych technik pomiarowych i analitycznych w zakresie oceanografii, adekwatnie do studiowanej specjalności i rozważanego problemu badawczego	Potrafi samodzielnie zaplanować oraz przeprowadzić badania i wykonać pomiary w laboratorium, z wykorzystaniem odpowiednio dobranych technik pomiarowych i analitycznych w zakresie filogenetyki organizmów morskich (treści programowe: 1-4)	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta	
Treści przedmiotu	<p>1. Podstawowe techniki molekularne w badaniach filogenetycznych: izolacja DNA, elektroforeza w żelu agarozowym, PCR, oczyszczanie produktów PCR</p> <p>2. Sekwencjonowanie sekwencjonowane klasyczne, next-generation sequencing.</p> <p>3. Zastosowanie narzędzi bioinformatycznych w badaniach filogenetycznych: przygotowanie sekwencji do analiz filogenetycznych, zapoznanie studentów z molekularnymi bazami danych, wybór sekwencji w zależności od celu zadania badawczego i przygotowanie dopasowania sekwencji, wykreślanie drzew filogenetycznych wykorzystując różne programy komputerowe, szacowanie wiarygodności otrzymanych drzew, interpretacja uzyskanych OUT, zegar molekularny.</p> <p>4. Samodzielna rekonstrukcja filogenezy wybranej grupy organizmów wykorzystując wiedzę zdobytą w trakcie zajęć oraz porównanie uzyskanych wyników z danymi literaturowymi</p>		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	obserwacja samodzielnej pracy studenta	100.0%	5.0%
	raport pisemny	51.0%	20.0%
	kolokwium (3x, 25 min)	51.0%	75.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<p>1. Brodie J., Lewis J. 2007. Unravelling the algae. The past, present, and future of algal systematics. The Systematics Association special Volume Series 75. CRC Press. Boca Raton.</p> <p>2. Hall B.G. 2008. Łatwe drzewa filogenetyczne. Poradnik użytkownika. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego. Warszawa.</p> <p>3. Higgs P.G., Attwood T.K. 2008. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p> <p>4. Jura C. 1997. Bezkręgowce. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p> <p>5. Krawczyk B., Kur J. 2008. Diagnostyka molekularna w mikrobiologii. Wydawnictwo Politechniki Gdańskiej. Gdańsk.</p> <p>6. Nowak Z., Gruszczyńska J. 2007. Wybrane techniki i metody analizy DNA. Wydawnictwo SGGW. Warszawa.</p> <p>7. Szweykowska A., Szweykowski J. 2005. Botanika. Systematyka. Tom 2. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p> <p>8. Weiner J. 1999. Życie i ewolucja biosfery. Podręcznik ekologii ogólnej. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p> <p>8. Węgleński P. (red.). 2003. Genetyka molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p>
	Uzupełniająca lista lektur	<p>1. Ansorge J.W. 2009. Next-generation DNA sequencing techniques. New Biotechnology. 25(4): 195-203.</p> <p>2. Kircher M., Kelso J. 2010. High-throughput DNA sequencing concepts and limitations. Bioessays. 32: 524-536.</p> <p>3. Spalik K., Piwczyński M. 2009. Rekonstrukcja filogenezy i wnioskowanie filogenetyczne w badaniach ewolucyjnych. Kosmos. Problemy nauk biologicznych. 58(3-4): 485-498.</p>
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.