

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Metody molekularne w identyfikacji gatunków - wykład (Wykład), PG_00142788						
Kierunek studiów	Ochrona zasobów przyrodniczych (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2025/2026		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie	Grupa zajęć			Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	2	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	3	Liczba punktów ECTS			1.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Wydział Biologii						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	dr Magdalena Dudek					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	0.0	0.0	0.0	15
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
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	15		3.0		7.0	25
Cel przedmiotu	<p>1. Zapoznanie studentów z problematyką molekularnych metod badawczych w taksonomii.</p> <p>2. Wprowadzenie w zagadnienia z zakresu taksonomii integratywnej, cybertaksonomii, repozytoriów danych.</p> <p>3. Poznanie podstawowej terminologii, narzędzi i etapów analizy danych w taksonomii molekularnej oraz aktualnych metod wyznaczania nowych jednostek taksonomicznych.</p> <p>4. Przybliżenie sposobów identyfikacji gatunków roślin, zwierząt i grzybów z materiału biologicznego oraz próbek środowiskowych.</p>						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[OZPL3_K02] Absolwent jest gotów do efektywnej pracy w zespole przyjmując w nim różne role	Student potrafi efektywnie pracować w zespole przyjmując w nim różne role.	[SK4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[OZPL3_W05] Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym podstawowe reguły i mechanizmy funkcjonowania życia na poziomie populacji, biocenozy i ekosystemu oraz czasowe i przestrzenne uwarunkowania różnorodności biologicznej	Student stosuje podstawowe metody statystyczne oraz algorytmy i techniki informatyczne wykorzystywane do identyfikacji gatunków.	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[OZPL3_W02] Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym mechanizmy przepływu informacji genetycznej i regulacji jej ekspresji, reguły dziedziczenia oraz źródła zmienności organizmów	Student objaśnia reguły dziedziczenia oraz źródła zmienności organizmów w problematyce identyfikacji gatunku.	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[OZPL3_K08] Absolwent jest gotów do systematycznej aktualizacji wiedzy przyrodniczej i jej praktycznego zastosowania	Student aktualizuje wiedzę z zakresu taksonomii molekularnej i zna jej praktyczne zastosowania.	[SK4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[OZPL3_W09] Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym obecny stan wiedzy oraz najnowsze trendy w biologii oraz ich związek z innymi dyscyplinami przyrodniczymi	Student objaśnia zasady stosowania metod molekularnych w identyfikacji gatunków oraz rozumie wady, zalety i ograniczenia ich zastosowania	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
Treści przedmiotu	<ul style="list-style-type: none"> - Markery molekularne wykorzystywane w badaniach taksonomicznych. - Techniki molekularne stosowane w taksonomii. - Metody statystyczne w analizie danych molekularnych. Wnioskowanie filogenetyczne. - Aktualne metody wytyczania jednostek taksonomicznych na podstawie danych molekularnych. 		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	pisemne zaliczenie (test i pytania otwarte)	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<ol style="list-style-type: none"> 1. Avise J.C. 2008. Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Wyd. Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa. 2. Baxevanis A.D., Quellerie B.F.F. (red.). 2005. Bioinformatyka. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa. 3. Brown T.A. 2001. Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa. 4. Futuyma E.J. 2008. Ewolucja. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa. 5. Hall B.G. 2008. Łatwe drzewa filogenetyczne. Poradnik użytkownika. Wyd. Uniwersytetu Warszawskiego. 6. Krzanowska H. i in. 2002. Zarys mechanizmów ewolucji. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa. 	

	Uzupełniająca lista lektur	<p>1. Cichocka JM, Bielecki A, Kur J, Pięka D, Kilikowska A, Biernacka B. A new leech species (Hirudinida: Erpobdellidae: Erpobdella) from a cave in the West Azerbaijan province of Iran. <i>Zootaxa</i>. 2015 Sep 9;4013(3):413-27. doi: 10.11646/zootaxa.4013.3.5. PMID: 26623905</p> <p>2. Falniowski A. 2003. <i>Metody numeryczne w taksonomii</i>. Wydawnictwo UJ, Kraków.</p> <p>3. Graur D., Wen-Hsiung L. 2000. <i>Fundamentals of Molecular Evolution. Second Edition</i>. Sinauer Associates, Sunderland, MA.</p> <p>4. Hall B.G. 2004. <i>Phylogenetic trees made easy: A how to manual</i>. Sinauer Associates, Sunderland, MA.</p> <p>5. Hennig W. 1966. <i>Phylogenetic Systematics</i>. University of Illinois Press, Urbana IL.</p> <p>6. Hills D.M. i in. (red.). 1996. <i>Molecular systematics</i>. Sinauer Associates, Sunderland, MA.</p> <p>7. Salemi M. Vandamme A.M. 2003. <i>The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny</i>. Cambridge University Press.</p>
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<p>Wykorzystywanie technik biologii molekularnej w taksonomii i badaniach filogenetycznych;</p> <p>Barkoding DNA jako nowe narzędzie w identyfikacji gatunków;</p> <p>Markery molekularne wykorzystywane w filogenetyce i identyfikacji gatunków;</p>	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.