

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Wprowadzenie do analiz filogenetycznych - wykład (Wykład), PG_00154710						
Kierunek studiów	Biologia (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 Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki			
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji		na uczelni			
Rok studiów	1	Język wykładowy		polski w razie potrzeby wykład może być prowadzony w języku angielskim			
Semestr studiów	2	Liczba punktów ECTS		1.0			
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia		egzamin			
Jednostka prowadząca	Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Genomiki Ewolucyjnej Ssaków						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	dr hab. Małgorzata Pilot					
	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		2.0		8.0	25
Cel przedmiotu	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.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[BIOLMU2_U03] dokonywać krytycznej analizy i selekcji informacji biologicznych, zwłaszcza ze źródeł elektronicznych	Absolwent potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych	[SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[BIOLMU2_K01] inicjatywy i samodzielności w działaniach oraz i odczuwa potrzebę uczenia się przez całe życie	Absolwent rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich praktycznego zastosowania	[SK1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja
	[BIOLMU2_W05] dynamiczny rozwój nauk biologicznych oraz nowe kierunki i dyscypliny badawcze	Absolwent rozumie wady, zalety i ograniczenia zastosowania poszczególnych metod analiz filogenetycznych	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[BIOLMU2_W01] zjawiska i procesy przyrodnicze na różnym poziomie złożoności	Absolwent zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w praktyce, potrafi objaśnić zasady działania podstawowych metod analiz filogenetycznych	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[BIOLMU2_U05] wykorzystywać metody statystyczne oraz techniki i narzędzia informatyczne do opisu zjawisk biologicznych i analizy danych o charakterze specjalistycznym	Absolwent wybiera odpowiedni program komputerowy i metodę analiz filogenetycznych w zależności od posiadanych danych wyjściowych	[SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
Treści przedmiotu	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.		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	zaliczenie w formie testowej z pytaniami otwartymi	50.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	Futuyma E. J. 2008. Ewolucja. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Wa-wa. Hall B.G. Łatwe drzewa filogenetyczne. 2008. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego , Wa-wa.	

	Uzupełniająca lista lektur	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.
	Adresy eZasobów	Podstawowe https://ksiegarnia.pwn.pl/Ewolucja,68958708,p.html - Ewolucja Douglasa J. Futuymy jest fundamentalnym podręcznikiem biologii ewolucyjnej dla studentów wszystkich kierunków biologicznych, ochrony środowiska, medycyny, weterynarii i innych nauk rolniczych. W Ewolucji Futuyma odwołuje się do najnowszych przykładów z badań laboratoryjnych i terenowych, przy tym jego książka ma formę niezwykle przyjazną dla czytelnika. Liczne kolorowe zdjęcia, ilustracje, schematy i wykresy oraz ramki i tabele prezentują w przystępny sposób omawiane problemy, a każdy rozdział kończy się znakomitą streszczeniem i zestawem problemów do samodzielnego rozwiązania. Podręcznik ten cieszy się ogromną popularnością na wyższych uczelniach całego świata. https://ksiegarnia.pwn.pl/Latwe-drzewa-filogenetyczne,68600742,p.html - Łatwe drzewa filogenetyczne. Poradnik użytkownika to rodzaj "książki kucharskiej" w dziedzinie filogenezy molekularnej, dostarczającej bardzo przystępnych instrukcji wykonania sensownej analizy filogenetycznej na podstawie sekwencji kwasów nukleinowych i białek stosunkowo małym nakładem pracy. Omówione są w niej wszystkie zasadnicze metody współczesnej filogenetyki molekularnej, stanowiącej obecnie nieodzowne narzędzie współczesnej biologii (nie tylko ewolucyjnej) - od najprostszych do najbardziej zaawansowanych. Czytelnik prowadzony jest "za rękę" przez cały proces budowy drzew filogenetycznych różnymi metodami i sprawdzania ich wiarygodności. Dla bardziej zainteresowanych teorią budowy drzew zamieszczone są informacje pogłębiające wiedzę na temat różnorodnych metod i koncepcji filogenetycznych. Uzupełniające Adresy na platformie eNauczanie:
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Podstawowe pojęcia stosowane w rekonstrukcji filogenezy, 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, programy komputerowe wykorzystywane do analiz filogenetycznych	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.