

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Wprowadzenie do analiz filogenetycznych - ćwiczenia laboratoryjne (Ćw. laboratoryjne), PG_00154716						
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 zajęcia mogą być prowadzone w języku angielskim.		
Semestr studiów	2		Liczba punktów ECTS		2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
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	0.0	0.0	15.0	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		4.0		31.0	50
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 w diagnostyce.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[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	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU5] realizacja zadania problemowego [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[BIOLMU2_W01] zjawiska i procesy przyrodnicze na różnym poziomie złożoności	Absolwent zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w praktyce, objaśnia zasady działania podstawowych metod analiz filogenetycznych	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
	[BIOLMU2_K01] inicjatywy i samodzielności w działaniach oraz 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/diskusja
	[BIOLMU2_U01] wybierać i stosować techniki i narzędzia badawcze adekwatne do problemów studiowanej specjalności nauk biologicznych	Absolwent potrafi wybrać odpowiedni do badanego problemu marker genetyczny, optymalny model substytucji nukleotydowej, odpowiednią metodę konstrukcji drzewa oraz metodę oceny jego wiarygodności.	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU5] realizacja zadania problemowego [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[BIOLMU2_W05] dynamiczny rozwój nauk biologicznych oraz nowe kierunki i dyscypliny badawcze	Absolwent rozumie wady, zalety i ograniczenia zastosowania poszczególnych metod analiz filogenetycznych	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
	[BIOLMU2_U03] dokonywać krytycznej analizy i selekcji informacji biologicznych, zwłaszcza ze źródeł elektronicznych	Absolwent potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU5] realizacja zadania problemowego [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[BIOLMU2_W04] pogłębią wiedzę z zakresu wybranej specjalności nauk biologicznych	Absolwent zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w praktyce, objaśnia zasady działania podstawowych metod analiz filogenetycznych	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
Treści przedmiotu	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, metody oceny wiarygodności drzewa, etapy komputerowej analizy filogenetycznej danych sekwencyjnych. Zapoznanie się z najczęściej stosowanymi programami komputerowymi wykorzystywanymi do analiz filogenetycznych.		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	wykonanie pracy zaliczeniowej	50.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	Futuyma E. J. 2008. Ewolucja. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, W-wa. Hall B.G. Łatwe drzewa filogenetyczne. 2008. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, W-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. Futuyma 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. 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.