

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Filogeneza w praktyce (Ćw. audytoryjne), PG_00154742						
Kierunek studiów	Biologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2025/2026		
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	2		Język wykładowy		polski		
Semestr studiów	3		Liczba punktów ECTS		2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Wydział Biologii						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr hab. Marcin Górniak				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	30.0	0.0	0.0	0.0	30
	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	30		5.0		15.0	50
Cel przedmiotu	Studenci poznają techniki diagnostyczne oparte na sekwencjach kwasów nukleinowych. Uczą się metod molekularnych i statystycznych do identyfikacji osobników/genotypów oraz oceny zróżnicowania genetycznego. Zdobywają podstawową wiedzę na temat analizy danych sekwencyjnych i umiejętność tworzenia drzew filogenetycznych z danych molekularnych. Przekazywane są informacje o mechanizmach, zaletach, wadach i zastosowaniach metod analiz filogenetycznych w diagnostyce. Zapoznają się również z podstawowymi programami komputerowymi do 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	potrafi potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych	[SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport
	[BIOLMU2_W05] dynamiczny rozwój nauk biologicznych oraz nowe kierunki i dyscypliny badawcze	rozumie wady, zalety i ograniczenia zastosowania poszczególnych metod analiz filogenetycznych	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja
	[BIOLMU2_W01] zjawiska i procesy przyrodnicze na różnym poziomie złożoności	zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w praktyce, objaśnia zasady działania podstawowych metod analiz filogenetycznych	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja
	[BIOLMU2_W04] pogłębioną wiedzę z zakresu wybranej specjalności nauk biologicznych	zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w praktyce, objaśnia zasady działania podstawowych metod analiz filogenetycznych	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja
	[BIOLMU2_U05] wykorzystywać metody statystyczne oraz techniki i narzędzia informatyczne do opisu zjawisk biologicznych i analizy danych o charakterze specjalistycznym	wybiera odpowiedni program komputerowy i metodę analiz filogenetycznych w zależności od posiadanych danych wyjściowych	[SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport
	[BIOLMU2_U01] wybierać i stosować techniki i narzędzia badawcze adekwatne do problemów studiowanej specjalności nauk biologicznych	potrafi przeprowadzić prostą analizę danych sekwencyjnych	[SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport
[BIOLMU2_K01] inicjatywy i samodzielności w działaniach oraz i odczuwa potrzebę uczenia się przez całe życie	rozumie rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich praktycznego zastosowania	[SK1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja	
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. Analiza danych molekularnych. Bank Genów jako źródło informacji: analizy polimorfizmu genetycznego (m.in. wirusów Sars-CoV2, HIV) i identyfikacja gatunkowa; określanie pokrewieństwa, subtypów, śledzenie źródeł i dróg zakażeń i rozprzestrzenianie się wirusów na przykładzie wirusów (w tym HIV). Etapy komputerowej analizy filogenetycznej danych sekwencyjnych. Przegląd programów komputerowych wykorzystywanych do analiz filogenetycznych.		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	zaliczenie testowe z pytaniami otwartymi i/lub test wyboru; •ocena zaliczeniowa na podstawie ocen częściowych otrzymywanych	51.0%	70.0%
	ocena zaliczeniowa na podstawie ocen częściowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru	51.0%	30.0%
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	artykuły publikowane w aktualnych czasopiśmie naukowe o zasięgu światowym 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.	
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:	

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Brak
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.