

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Geny i populacje w czasie i przestrzeni, PG_00156401						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2026/2027		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie		Grupa zajęć		Grupa zajęć fakultatywnych		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	3		Język wykładowy		polski Dopuszcza się prowadzenie zajęć także w języku angielskim		
Semestr studiów	5		Liczba punktów ECTS		3.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Aleksandra Naczka				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
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						
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		0.0		45.0	75
Cel przedmiotu	Zrozumienie podstaw zmienności dziedzicznej i niedziedzicznej, metod jej opisu oraz efektów działania różnych czynników ewolucyjnych, kształtujących równowagę genetyczną w populacjach, w czasie i przestrzeni.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[BIOINL3_U02] Potrafi zastosować wiedzę z nauk przyrodniczych i ścisłych do formułowania, analizowania i rozwiązywania problemów związanych z bioinformatyką		Potrafi obliczyć i analizować parametry zmienności genetycznej w populacjach roślin i zwierząt z wykorzystaniem wzorów i programów komputerowych. Potrafi zastosować wiedzę na temat zmienności genetycznej w populacjach roślin i zwierząt do formułowania i rozwiązywania problemów bioinformatycznych.		[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SU3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna		
	[BIOINL3_W04] Ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce		Identyfikuje procesy ewolucyjne wpływające na wzorce zmienności genetycznej w populacjach naturalnych. Rozumie przyczyny zróżnicowanej częstości cech w populacjach naturalnych. Rozumie rozkłady zmienności genetycznej lokalnych populacji w przestrzeni.		[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SW2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SW3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna		

Treści przedmiotu	1. Zmienność dziedziczna i niedziedziczna. 2. Polimorfizm genetyczny. 3. Przepływ genów w populacjach w czasie i przestrzeni. 4. Problem depresji inbredowej w ochronie gatunków zagrożonych. 5. Czynniki naruszające równowagę genetyczną w populacjach. 6. Zmienność geograficzna wybranych gatunków roślin i zwierząt. 7. Genetyka konserwatorska. 8. Struktura genetyczna populacji. 9. Sieci haplotypów. 10. Efektywna wielkość populacji.		
Wymagania wstępne i dodatkowe	-wymagania wstępne: Student po ukończeniu przedmiotów obowiązkowych w pierwszych trzech semestrach posiada wiedzę i umiejętności kwalifikujące go do uczestnictwa i zaliczenia przedmiotu -wymagania formalne: Ukończone przedmioty: Bioróżnorodność i podstawy taksonomii Biologia komórki i metabolizm Biologia molekularna i genetyka		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	praca własna studenta w ramach kart pracy na każdych ćwiczeniach	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu): A.1. wykorzystywana podczas zajęć - Hartl D.L. Clark A.G. Podstawy genetyki populacji Uniwersytet Warszawski, Warszawa 2009 - Freeland J.R. Ekologia molekularna. PWN, Warszawa 2008 - Frankham R. Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, 2010 H. Fletcher, I. Hickey, P. Winter. Genetyka. Krótkie wykład. PWN, 2010 A.2. studiowana samodzielnie przez studenta - Publikacje naukowe udostępnione przez nauczyciela	
	Uzupełniająca lista lektur	Brak.	
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:	

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Posługując się programem ARLEQUIN zostanie oszacowana frekwencja haplotypów, przeprowadzone zostaną testy neutralności, określony zostanie stopień zróżnicowania genetycznego oparty na statystyce F i analizie wariancji molekularnej AMOVA. Poszukiwanie regionów pod wpływem doboru naturalnego. Ocena efektywnej wielkości populacji.
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.