

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Zaawansowane metody filogenetyczne (Ćw. laboratoryjne), PG_00191215						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2028/2029		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie	Grupa zajęć			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	3	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	6	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 hab. Marcin Górniak				
	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	Zapoznanie studentów z ewolucją życia w świetle badań filogenetyki molekularnej od świata RNA poprzez początki życia komórkowego do współczesnego zróżnicowania organizmów.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu			Sposób weryfikacji i oceny efektu	
	[BIOINL3_W02] Ma zaawansowaną wiedzę z nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną do zrozumienia podstaw funkcjonowania organizmów żywych		Zna przełomowe wydarzenia w historii życia na ziemi. Zna metody molekularne stosowanych do rekonstrukcji filogenetycznego drzewa życia. Zna związki filogenetyki molekularnej i taksonomii.			[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SW2] prezentacja/projekt/referat/raport [SW3] opracowanie tekstowe/praca pisemna	
	[BIOINL3_U02] Potrafi zastosować wiedzę z nauk przyrodniczych i ścisłych do formułowania, analizowania i rozwiązywania problemów związanych z bioinformatyką		Stosuje filogenetykę molekularną do opisu przebiegu ewolucji. Stosuje filogenetykę molekularną do klasyfikacji wybranych grup organizmów z zastosowaniem narzędzi bioinformatycznych.			[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU3] opracowanie tekstowe/praca pisemna	

Treści przedmiotu	<p>Świat RNA, molekularne skamieniałości.</p> <p>2. Początki życia na Ziemi (LUCA).</p> <p>3. Powstanie jądra komórkowego.</p> <p>4. Teoria endosymbiozy.</p> <p>5. Drzewo życia (Eubacteria, Archaea, Eukariota).</p> <p>6. Ewolucja Eukariota.</p> <p>7. Historia klasyfikacji organizmów.</p> <p>8. Klasyfikacja a filogeneza (alfa taksonomia, taksonomia numeryczna, trudności w odtwarzaniu filogenezy).</p> <p>9. Dystans genetyczny, hybrydyzacja i horyzontalny transfer genów, drzewo genów, drzewo gatunków).</p> <p>10. Mapowanie cech na drzewach filogenetycznych - opisywanie ewolucji.</p>											
Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>Ukończona biologia komórki i metabolizm. Ukończona biologia molekularna i genetyka. Ukończona filogenetyka molekularna.</p> <p>Student po ukończeniu przedmiotów obowiązkowych w pierwszych trzech semestrach posiada wiedzę i umiejętności kwalifikujące go do uczestnictwa i zaliczenia przedmiotu.</p>											
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	<table border="1" data-bbox="448 1106 1487 1279"> <thead> <tr> <th data-bbox="448 1106 794 1137">Sposób oceniania (składowe)</th> <th data-bbox="794 1106 1145 1137">Próg zaliczeniowy</th> <th data-bbox="1145 1106 1487 1137">Składowa oceny końcowej</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td data-bbox="448 1137 794 1245">ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru</td> <td data-bbox="794 1137 1145 1245">51.0%</td> <td data-bbox="1145 1137 1487 1245">50.0%</td> </tr> <tr> <td data-bbox="448 1245 794 1279">Kolokwium</td> <td data-bbox="794 1245 1145 1279">51.0%</td> <td data-bbox="1145 1245 1487 1279">50.0%</td> </tr> </tbody> </table>			Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej	ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru	51.0%	50.0%	Kolokwium	51.0%	50.0%
Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej										
ustalenie oceny zaliczeniowej na podstawie ocen cząstkowych otrzymywanych w trakcie trwania semestru	51.0%	50.0%										
Kolokwium	51.0%	50.0%										
Zalecana lista lektur	<p>Podstawowa lista lektur</p> <p>Uzupełniająca lista lektur</p> <p>Adresy eZasobów</p>	<p>A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):</p> <p>A.1. wykorzystywana podczas zajęć</p> <ul style="list-style-type: none"> • D. Futuyama. Ewolucja. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego. • J. Dzik. Dzieje życia na Ziemi. Wydawnictwo Naukowe PWN. • János Podani, Different from Trees, more than Metaphors: Branching Silhouettes Corals, Cacti, and the Oaks, Systematic Biology, Volume 66, Issue 5, September 2017, Pages 737753, https://doi.org/10.1093/sysbio/syx039 • Tree of Life Web Project. (http://tolweb.org/tree/) <p>K. Darwin. *O powstawaniu gatunków drogą doboru naturalnego*. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego.</p>										
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Brak											

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.