Uniwersytet Gdański

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Filogenetyka molekularna, PG_00193530		
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 obowiązkowych z zakresu kierunku studiów 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	5	Liczba punktów ECTS	5.0
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia	egzamin
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki		
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	prof. dr hab. Marek Ziętara	
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		

Formy zajęć							
	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	30.0	0.0	45.0	0.0	0.0	75
	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	75	0.0	50.0	125

Cel przedmiotu	Celem zajęć jest zapoznanie studentów z metodami analiz filogenetycznych z zastosowaniem sekwencji DNA i białek. Studenci poznają zarówno teoretyczne podstawy tych analiz (KW_02) jak również nabędą wiedzę oraz umiejętności samodzielnego ich przeprowadzenia (KW_04, KU_01). Studenci nabędą umiejętność samodzielnej interpretacji własnych oraz opublikowanych wyników analiz filogenetycznych w tym umiejętność proponowania scenariuszy ewolucyjnych w oparciu o te wyniki (KU_05).

Efekty uczenia się przedmiotu

Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
[BIOINL3_U05] Posiada umiejętność korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej bioinformatyki; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada umiejętność korzystania z właściwych baz danych	Potrafi pozyskiwać sekwencje do analiz filogenetycznych. Potrafi korzystać ze źródeł literaturowych i zasobów komputerowych w języku angielskim.	[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny
[BIOINL3_W02] Ma zaawansowaną wiedzę z nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną do zrozumienia podstaw funkcjonowania organizmów żywych	Zna markery molekularne stosowane w taksonomii filogenetycznej. Zna pojęcia genealogia i koalescencja. Zna teoretyczne podstawy filogeografii, zegara molekularnego, specjacji, hybrydyzacji gatunków. Zna różnice pomiędzy drzewami genów i gatunków. Zna mechanizmy duplikacji i różnicowania genów.	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna
[BIOINL3_W04] Ma zaawansowaną wiedzę w zakresie technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce	Zna modele ewolucji sekwencji DNA. Zna zasady rekonstrukcji drzew filogenetycznych. Zna metody weryfikacji drzew filogenetycznych. Zna zasady przewidywania sekwencji ancestralnych.	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna
[BIOINL3_U01] Potrafi programować, wykorzystując nowoczesne narzędzia programistyczne, w tym narzędzia dedykowane bioinformatyce	Potrafi pozyskiwać sekwencje do analiz filogenetycznych. Potrafi zestawiać sekwencje i dopasowywać model ewolucji. Potrafi rekonstruować drzewa filogenetyczne z zastosowaniem specjalistycznego oprogramowania. Potrafi samodzielnie interpretować drzewa filogenetyczne. Potrafi ocenić wiarygodność drzew filogenetycznych stosując specjalistyczne oprogramowania. Potrafi rekonstruować sekwencje przodków z zastosowaniem metod filogenetycznych.	[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SU3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna

Treści przedmiotu	*Taksonomia i filogenetyka molekularna* *Wykład 16 godz.* Markery molekularne stosowane w taksonomii. Analiza wyników sekwencjonowania. Pokrewieństwo i genealogia wewnątrzgatunkowa (koalescencja). Filogeografia, zegar molekularny, specjacja i hybrydyzacja. Modele ewolucji molekularnej sekwencji DNA. Drzewa filogenetyczne gatunków. Filogeneza gatunków a filogeneza genów. Przegląd oprogramowania do konstrukcji i weryfikacji drzew filogenetycznych w tym: MEGA, Beast, jModelTest, PhyML, MrBayes. *Ćwiczenia laboratoryjne/komputerowe 24 godz.* Pozyskiwanie i przygotowanie sekwencji DNA do analiz filogenetycznych. Zestawienie sekwencji i dopasowanie modelu ewolucji. Rekonstrukcja drzew filogenetycznych z zastosowaniem metod dystansowych (NJ i ME), oraz metod opartych o cechy (MP), maksymalnej wiarygodności (ML) i bayesowskich. Ocena wiarygodności drzew filogenetycznych. Zastosowanie zegara molekularnego. *Filogenetyka i ewolucja molekularna białek* *Wykład 14 godz.* Modele ewolucji molekularnej sekwencji białek. Rekonstrukcja drzew filogenetycznych w oparciu o sekwencje białek. Metody weryfikacji drzew filogenetycznych. Filogeneza genów kodujących białka a filogeneza gatunków. Tempo ewolucji molekularnej oraz zegar molekularny. Neutralna teoria ewolucji oraz typy doboru działającego na geny kodujące białka. Duplikacja, poziomy transfer oraz ewolucja rodzin genów kodujących białka. Przewidywanie sekwencji przodków genów kodujących białka. *Ćwiczenia laboratoryjne/komputerowe 21 godz.* Pozyskiwanie i przygotowanie sekwencji białek do analiz filogenetycznych. Zestawienie sekwencji i dopasowanie modelu ewolucji. Rekonstrukcja drzew filogenetycznych z zastosowaniem metod maksymalnej wiarygodności i bayesowskich. Ocena wiarygodności drzew filogenetycznych. Zastosowanie zegara molekularnego. Rekonstrukcja drzew filogenetycznych rodzin genów kodujących białka i ich interpretacja. Filogenetyczna rekonstrukcja sekwencji przodków.
Wymagania wstępne i dodatkowe	w. wstępne: Student po ukończeniu przedmiotów obowiązkowych w pierwszych czterech semestrach posiada wiedze i umiejętności kwalifikujące go do uczestnictwa i zaliczenia przedmiotu. w. formalne: Zaliczone: Bioróżnorodność i podstawy taksonomii, Bioinformatyczna analiza sekwencji, Biologia molekularna i genetyka, Genomika, Podstawy procesów stochastycznych dla bioinformatyków w. dodatkowe: 1. Obecność na zajęciach jest obowiązkowa, a w razie nieobecności należy ja usprawiedliwić zgodnie z par. 12 Regulaminu Studiów UG. 2. Warunkiem zaliczenia wykładu jest obecność na co najmniej 80% zajęć, natomiast warunkiem zaliczenia ćwiczeń jest uczestnictwo w co najmniej 85% zajęć. 3. Warunkiem dopuszczenia do egzaminu jest zaliczenie ćwiczeń. W przypadku pytań testowych student będzie wybierał jedną z możliwych odpowiedzi i krótko uzasadniał swój wybór lub syntetycznie odpowiadał na pytania otwarte. Pytania będą mogły być ilustrowane odpowiednim wykresem, schematem etc. Egzamin będzie sprawdzał zarówno wiedzę jak też umiejętności studenta. 4. Negatywna ocena z egzaminu pisemnego musi być poprawiona podczas egzaminu poprawkowego odbywającego się w oparciu o te same zasady co egzamin w pierwszym terminie. 5. Umiejętności nabywane podczas ćwiczeń będą weryfikowane na bieżąco przez prowadzących zajęcia. W czasie ćwiczeń prowadzący będzie również sprawdzał wiedzę studentów związaną bezpośrednio z nabywanymi umiejętnościami (pytania, dyskusja). Prowadzący będzie oceniał umiejętności i wiedzę każdego studenta tak, że w momencie zakończenia ćwiczeń każdy student będzie miał minimum 4 oceny.

<table>
<tr><td>Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się</td><td colspan="2"><table>
<tr><th>Sposób oceniania (składowe)</th><th>Próg zaliczeniowy</th><th>Składowa oceny końcowej</th></tr>
<tr><td>Egzamin pisemny</td><td>51.0%</td><td>60.0%</td></tr>
<tr><td>Laboratorium - średnia ocen cząstkowych</td><td>51.0%</td><td>40.0%</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td rowspan="3">Zalecana lista lektur</td><td>Podstawowa lista lektur</td><td>A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):

• Oryginalne publikacje naukowe i opracowania przygotowane przez prowadzącego i udostępnione studentom w czasie zajęć.
• Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PG Higgs i TK Atwood, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2008.
• Bioinformatyka- podręcznik do analizy genów i białek. AD Baxevanis BFF Ouellette Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2004.
• Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. JC Avise Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2008
• Łatwe drzewa filogenetyczne. Hall Barry (2008) Warszawa, Wyd. UW.</td></tr>
<tr><td>Uzupełniająca lista lektur</td><td>B. Literatura uzupełniająca:

• Genomes 3 T.A. Brown , 2007, Garland Science.
• Ekologia molekularna. Joanna R. Freeland (2008) Warszawa PWN.
• Brown T.A. Genomy, wyd. II, przekład pod red. P. Węgleńskiego, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2009.</td></tr>
<tr><td>Adresy eZasobów</td><td></td></tr>
<tr><td>Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania</td><td colspan="2">Nie dotyczy</td></tr>
<tr><td>Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu</td><td colspan="2">Nie dotyczy</td></tr>
</table>

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.