Uniwersytet Gdański

Karta przedmiotu

| | | | |
|---|---|---|---|
| Nazwa i kod przedmiotu | Metody molekularne w identyfikacji gatunków (Wykład), PG_00198103 | | |
| Kierunek studiów | Ochrona zasobów przyrodniczych (O) | | |
| Data rozpoczęcia studiów | październik 2026 r. | Rok akademicki realizacji przedmiotu | 2027/2028 |
| Poziom kształcenia | I stopnia - licencjackie | Grupa zajęć | Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów<br>Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki |
| Forma studiów | stacjonarne | Sposób realizacji | na uczelni |
| Rok studiów | 2 | Język wykładowy | polski |
| Semestr studiów | 3 | Liczba punktów ECTS | 1.0 |
| Profil kształcenia | ogólnoakademicki | Forma zaliczenia | zaliczenie |
| Jednostka prowadząca | Rektor -> Wydział Biologii | | |
| Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców) | Odpowiedzialny za przedmiot | dr Magdalena Dudek | |
| | Prowadzący zajęcia z przedmiotu | | |

| Formy zajęć | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | Forma zajęć | Wykład | Ćwiczenia | Laboratorium | Projekt | Seminarium | RAZEM |
| | Liczba godzin zajęć | 15.0 | 0.0 | 0.0 | 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 | 3.0 | 7.0 | 25 |

**Cel przedmiotu**

1. Zapoznanie studentów z problematyką molekularnych metod badawczych w taksonomii.

2. Wprowadzenie w zagadnienia z zakresu taksonomii integratywnej, cybertaksonomii, repozytoriów danych.

3. Poznanie podstawowej terminologii, narzędzi i etapów analizy danych w taksonomii molekularnej oraz aktualnych metod wyznaczania nowychjednostek taksonomicznych.

4. Przybliżenie sposobów identyfikacji gatunków roślin, zwierząt i grzybów z materiału biologicznego oraz próbek środowiskowych.

**Efekty uczenia się przedmiotu**

| Efekt kierunkowy | Efekt z przedmiotu | Sposób weryfikacji i oceny efektu |
|---|---|---|
| [OZPL3_K02] Absolwent jest gotów do efektywnej pracy w zespole przyjmując w nim różne role | Student potrafi efektywnie pracować w zespole przyjmując w nim różne role. | [SK4] test/egzamin - ustny lub pisemny |
| [OZPL3_K08] Absolwent jest gotów do systematycznej aktualizacji wiedzy przyrodniczej i jej praktycznego zastosowania | Student aktualizuje wiedzę z zakresu taksonomii molekularnej i zna jej praktyczne zastosowania. | [SK4] test/egzamin - ustny lub pisemny |
| [OZPL3_W05] Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym reguły i mechanizmy funkcjonowania życia na poziomie populacji, biocenozy i ekosystemu oraz czasowe i przestrzenne uwarunkowania różnorodności biologicznej | Student stosuje podstawowe metody statystyczne oraz algorytmy i techniki informatyczne wykorzystywane do identyfikacji gatunków. | [SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny |
| [OZPL3_W09] Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym obecny stan wiedzy oraz najnowsze trendy w ochronie zasobów przyrodniczych oraz ich związek z innymi dyscyplinami przyrodniczymi | Student objaśnia zasady stosowania metod molekularnych w identyfikacji gatunków oraz rozumie wady, zalety i ograniczenia ich zastosowania | [SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny |
| [OZPL3_W02] Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym mechanizmy przepływu informacji genetycznej i regulacji jej ekspresji, reguły dziedziczenia oraz źródła zmienności organizmów | Student objaśnia reguły dziedziczenia oraz źródła zmienności organizmów w problematyce identyfikacji gatunku. | [SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny |

**Treści przedmiotu**

- Markery molekularne wykorzystywane w badaniach taksonomicznych.

- Techniki molekularne stosowane w taksonomii.

- Metody statystyczne w analizie danych molekularnych. Wnioskowanie filogenetyczne.

- Aktualne metody wytyczania jednostek taksonomicznych na podstawie danych molekularnych.

**Wymagania wstępne i dodatkowe**

**Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się**

| Sposób oceniania (składowe) | Próg zaliczeniowy | Składowa oceny końcowej |
|---|---|---|
| pisemne zaliczenie (test i pytania otwarte) | 51.0% | 100.0% |

**Zalecana lista lektur**

Podstawowa lista lektur


1. Avise J.C. 2008. Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Wyd. Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa.

2. Baxevanis A.D., Quellette B.F.F. (red.). 2005. Bioinformatyka. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa.

3. Brown T.A. 2001. Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa.

4. Futuyma E.J. 2008. Ewolucja. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa.

5. Hall B.G. 2008. Łatwe drzewa filogenetyczne. Poradnik użytkownika. Wyd. Uniwersytetu Warszawskiego.

6. Krzanowska H. i in. 2002. Zarys mechanizmów ewolucji. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa.

| | | |
|---|---|---|
| | Uzupełniająca lista lektur | 1. Cichocka JM, Bielecki A, Kur J, Pikuła D, Kilikowska A, Biernacka B. A new leech species (Hirudinida: Erpobdellidae: Erpobdella) from a cave in the West Azerbaijan province of Iran. Zootaxa. 2015 Sep 9;4013(3):413-27. doi: 10.11646/zootaxa.4013.3.5. PMID: 26623905<br><br>2. Falniowski A. 2003. Metody numeryczne w taksonomii. Wydawnictwo UJ, Kraków.<br><br>3. Graur D., Wen-Hsiung L. 2000. Fundamentals of Molecular Evolution. Second Edition. Sinauer Associates, Sunder-land, MA.<br><br>4. Hall B.G. 2004. Phylogenetic trees made easy: A how to manual. Sinauer Associates, Sunderland, MA.<br><br>5. Hennig W. 1966. Phylogenetic Systematics. University of Illinois Press, Urbana IL.<br><br>6. Hills D.M. i in. (red.). 1996. Molecular systematic. Sinauer Associates, Sunderland, MA.<br><br>7. Salemi M. Vandamme A.M. 2003. The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phylogeny. Cambridge University Press. |
| | Adresy eZasobów | |
| Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania | Wykorzystywanie technik biologii molekularnej w taksonomii i badaniach filogenetycznych;<br><br>Barkoding DNA jako nowe narzędzie w identyfikacji gatunków;<br><br>Markery molekularne wykorzystywane w filogenetyce i identyfikacji gatunków; | |
| Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu | Nie dotyczy | |

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.