Uniwersytet Gdański

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Zastosowanie metod analiz filogenetycznych w diagnostyce (Ćw. laboratoryjne), PG_00203469		
Kierunek studiów	Biologia medyczna (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 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	2.0
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia	zaliczenie
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki		
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	mgr Michalina Kijowska	
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		

Formy zajęć							
	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	15.0	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	4.0	31.0	50

Cel przedmiotu	Poznanie metod molekularnych i statystycznych umożliwiających identyfikację osobników/genotypów i ocenę zróżnicowania genetycznego. Poznanie podstawowych etapów analizy danych sekwencyjnych. Kształtowanie umiejętności konstruowania drzew relacji filogenetycznych w oparciu o dane molekularne; dostarczenie informacji umożliwiających zrozumienie mechanizmów, wad i zalet oraz zastosowań podstawowych metod analiz filogenetycznych w diagnostyce. Poznanie podstawowych programów komputerowych niezbędnych do przeprowadzenia analiz filogenetycznych.

Efekty uczenia się przedmiotu

Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
[BIOLMEDL3_U03] stosuje podstawowe metody statystyczne oraz algorytmy i techniki informatyczne do opisu zjawisk i analizy danych	stosuje metody statystyczne oraz techniki i narzędzia bioinformatyczne do analizy danych molekularnych; wybiera odpowiedni program komputerowy i metodę, w zależności od posiadanych danych wyjściowych, przeprowadza prostą analizę filogenetyczną	[SU5] realizacja zadania problemowego [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
[BIOLMEDL3_K01] ma świadomość uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu biologii medycznej i dyscyplin pokrewnych oraz odnosi zdobytą wiedzę do planowania i projektowania działań zawodowych	rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich zastosowania w biologii medycznej	[SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
[BIOLMEDL3_W10] zna i rozumie w stopniu zaawansowanym zasady oceny procesów i zjawisk zachodzących w organizmie, wykorzystując pomiary fizyczne lub chemiczne, a także posiada zaawansowaną wiedzę o metodach doświadczalnych i najważniejszych technikach nauk biologicznych mogących mieć zastosowanie w biologii medycznej i diagnostyce	objaśnia podstawy teoretyczne technik badawczych stosowanych do analiz zmienności genetycznej i zna ich zastosowanie w biologii medycznej i diagnostyce	[SW2] prezentacja/projekt/referat/ raport
[BIOLMEDL3_W09] opisuje zasady wykorzystania narzędzi informatycznych do analizy danych i interpretacji zjawisk i procesów biologicznych	zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w diagnostyce molukularno-biochemicznej	[SW2] prezentacja/projekt/referat/ raport
[BIOLMEDL3_U07] potrafi interpretować dane liczbowe związane z zawodem biologa medycznego	potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych	[SU5] realizacja zadania problemowego [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta

Treści przedmiotu

Analiza danych molekularnych. Konstrukcja kladogramów: metody algorytmiczne i metody oparte o kryterium optymalizacji. Analizy sieciowe. Bank Genów jako źródło informacji: analizy polimorfizmu genetycznego (m.in. wirusów HBV, HPV, 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. Korzystanie z literatury naukowej z zakresu genetyki populacyjnej i ewolucyjnej. Planowanie i wykonywanie prostych zadań badawczych z zakresu diagnostyki, genetyki populacyjnej i ewolucyjnej pod kierunkiem opiekuna.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się

Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
raport końcowy z ćwiczeń	51.0%	60.0%
karty pracy	51.0%	40.0%

Zalecana lista lektur

Podstawowa lista lektur

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

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

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

Hall B.G. Łatwe drzewa filogenetyczne. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa, 2008

	Uzupełniająca lista lektur	Felsenstein J. Inferring Phylogenies. Sinauer Associates, Sunderland, MA, 2004 Graur D., Wen-Hsiung L. Fundamentals of Molecular Evolution. Second Edition. Sinauer Associates, Sunder-land, MA, 2000 Hall B.G. Phylogenetic trees made easy: A how to manual. Sinauer Associates, Sunderland, MA, 2004 Hills D. M. i in. (ed.). Molecular systematic. Sinauer Associates, Sunderland, MA, 1996 Salemi M. Vandamme A.M. The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to DNA and Protein Phyloge-ny. Cambridge University Press, 2003
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Analiza przypadku: 61-letnia HIV-negatywna pacjentka została poddana operacji, podczas której nie przeprowadzono transfuzji krwi. Następnie zaczęła wykazywać objawy infekcji wirusem HIV i wykazano, że jest seropozytywna. Przy pomocy narzędzi analiz filogenetycznych odpowiedz na pytanie, czy pacjentka została zarażona przez personel medyczny szpitala?	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.