Uniwersytet Gdański

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Zastosowanie metod analiz filogenetycznych w diagnostyce (Wykład), PG_00203470		
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	1.0
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia	zaliczenie
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Genomiki Ewolucyjnej Ssaków		
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	prof. dr hab. Małgorzata Pilot	
	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	2.0	8.0	25

Cel przedmiotu	
	Zapoznanie studentów z metodami diagnostycznymi opartymi na analizie sekwencji kwasów nukleinowych. Poznanie metod molekularnych i statystycznych umożliwiających identyfikację osobników/genotypów i ocenę zróżnicowania genetycznego. Poznanie podstawowych etapów analizy sekwencji DNA. Kształtowanie umiejętności konstruowania drzew relacji filogenetycznych w oparciu o dane molekularne. Poznanie mechanizmów, wad i zalet oraz zastosowań podstawowych metod analiz filogenetycznych w diagnostyce. Poznanie podstawowych programów komputerowych używanych do przeprowadzenia analiz filogenetycznych.

Efekty uczenia się przedmiotu

Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
[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	Absolwent rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich zastosowania w biologii medycznej	[SK1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja
[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	Absolwent potrafi objaśnić podstawy teoretyczne technik badawczych stosowanych do analiz zmienności genetycznej i zna ich zastosowanie w biologii medycznej i diagnostyce	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja
[BIOLMEDL3_W09] opisuje zasady wykorzystania narzędzi informatycznych do analizy danych i interpretacji zjawisk i procesów biologicznych	Absolwent zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w diagnostyce molekularno-biochemicznej	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja
[BIOLMEDL3_U07] potrafi interpretować dane liczbowe związane z zawodem biologa medycznego	Absolwent potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych	[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja
[BIOLMEDL3_U03] stosuje podstawowe metody statystyczne oraz algorytmy i techniki informatyczne do opisu zjawisk i analizy danych	Absolwent 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	[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny

Treści przedmiotu

Zakres zastosowań analiz filogenetycznych: m.in. weterynaria, epidemiologia, genotypowanie mikroorganizmów, medycyna sądowa, przemysł spożywczy. Wykorzystanie markerów DNA do genotypowania i oceny polimorfizmu. Problematyka doboru odpowiedniego markera molekularnego. Molekularne metody identyfikacji mikroorganizmów. Barcoding. Podstawowe pojęcia stosowane w rekonstrukcji filogenezy. Typy matryc danych. Przegląd metod stosowanych w analizach filogenetycznych. Modele ewolucji sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, problem znalezienia najlepszego drzewa, trudności w rekonstrukcji filogenezy i jej wiarygodność.

Wymagania wstępne i dodatkowe

Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się

Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
zaliczenie na ocenę: test z pytaniami otwartymi	50.0%	100.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	Baxevanis A. D., Quellette B. F. F. (red.). 2005. Bioinformatyka, Wydawnictwo Naukowe PWN, W-wa. Brown T. A. 2001. Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN, W-wa. Futuyma D. J. 2008. Ewolucja. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, W-wa. Hall B.G. Łatwe drzewa filogenetyczne. 2008. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego , W-wa.
	Uzupełniająca lista lektur	Felsenstein J. 2004. Inferring Phylogenies. Sinauer Associates, Sunderland, MA. Graur D., Wen-Hsiung L. 2000. Fundamentals of Molecular Evolution. Second Edition. Sinauer Associates, Sunder-land, MA. Hall B.G. 2004. Phylogenetic trees made easy: A how to manual. Sinauer Associates, Sunderland, MA. Hills D. M. i in. (red.). 1996. Molecular systematic. Sinauer Associates, Sunderland, MA. 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	- Wady i zalety różnych markerów genetycznych wykorzystywanych do genotypowania i oceny polimorfizmu;- Sposób doboru odpowiedniego markera molekularnego;- Zastosowanie barcodingu i metabarcodingu w identyfikacji mikroorganizmów;- Modelowanie ewolucji sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych;- Metody konstrukcji drzew filogenetycznych;- Sposoby przeszukiwania przestrzeni drzew w celu znalezienia najlepszego drzewa;- Metody oceny wiarygodności drzew filogenetycznych;- Interpretacja drzew filogenetycznych w celach diagnostycznych	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.