Uniwersytet Gdański

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Taksonomia molekularna organizmów morskich - ćw. laboratoryjne , PG_00204909		
Kierunek studiów	Oceanografia (O)		
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu	2026/2027
Poziom kształcenia	II stopnia	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	1	Język wykładowy	polski
Semestr studiów	1	Liczba punktów ECTS	2.0
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia	zaliczenie
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Oceanografii i Geografii -> Katedra Funkcjonowania Ekosystemów Morskich		
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	dr Filip Pniewski	
	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	2.0	18.0	50

Cel przedmiotu	Przygotowanie studentów do korzystania z nowoczesnych metod molekularnych w badaniach ewolucji i taksonomii organizmów morskich. Stworzenie podstaw do krytycznego wnioskowania na temat przydatności tych metod oraz umiejętnej oceny i interpretacji uzyskanych wyników [forma zajęć: ćwiczenia laboratoryjne i audytoryjne].

Efekty uczenia się przedmiotu

Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
[OCEANMU2-W04] zna i rozumie w pogłębionym stopniu najnowsze trendy badań z zakresu oceanografii a także możliwości praktycznego zastosowania powiązanych osiągnięć, ocenia ich przydatność i ograniczenia w rozwiązywaniu problemów badawczych naukowych, krytycznie je analizuje i ocenia możliwości ich zastosowania	Zna i rozumie w pogłębionym stopniu techniki, metody badawcze oraz narzędzia (matematycznych, statystycznych, informatycznych) wykorzystywane w celu opisu ewolucji i pokrewieństwa organizmów morskich (treści programowe: 1-4)	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
[OCEANMU2-U03] potrafi samodzielnie zaplanować i przeprowadzić zaawansowane badania i pomiary, zarówno w terenie jak i laboratorium, z wykorzystaniem odpowiednio dobranych technik pomiarowych i analitycznych w zakresie oceanografii, adekwatnie do studiowanej specjalności i rozważanego problemu badawczego	Potrafi samodzielnie zaplanować badania i analizy laboratoryjne w zakresie filogenetyki organizmów morskich (treści programowe: 1-4)	[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja
[OCEANMU2-U04] potrafi w sposób analityczny i syntetyczny opracować wyniki badań i analiz oraz na ich podstawie prowadzić poprawne wnioskowanie	Potrafi w sposób analityczny i syntetyczny opracować wyniki badań i analiz filogenetycznych oraz na ich podstawie prowadzić poprawne wnioskowanie dotyczące ewolucji i pokrewieństwa organizmów morskich (treści programowe: 1-4)	[SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport
[OCEANMU2-K05] jest gotów do stosowania się do zasad bezpieczeństwa i higieny pracy, dbania o powierzony mu sprzęt specjalistyczny oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia i podejmowania odpowiednich działań	Jest gotów do stosowania się do zasad bezpieczeństwa i higieny pracy w laboratorium biologii molekularnej, dbania o powierzony mu sprzęt specjalistyczny oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia w pracy z odczynnikami i sprzętem stosowanym w badaniach nad filogenetyką organizmów morskich (treści programowe: 1)	[SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta

Treści przedmiotu

1. Podstawowe techniki molekularne w badaniach filogenetycznych: izolacja DNA, elektroforeza w żelu agarozowym, PCR, oczyszczanie produktów PCR
2. Sekwencjonowanie sekwencjonowane klasyczne, next-generation sequencing.
3. Zastosowanie narzędzi bioinformatycznych w badaniach filogenetycznych: przygotowanie sekwencji do analiz filogenetycznych, zapoznanie studentów z molekularnymi bazami danych, wybór sekwencji w zależności od celu zadania badawczego i przygotowanie dopasowania sekwencji, wykreślanie drzew filogenetycznych wykorzystując różne programy komputerowe, szacowanie wiarygodności otrzymanych drzew, interpretacja uzyskanych OUT, zegar molekularny.
4. Samodzielna rekonstrukcja filogenezy wybranej grupy organizmów wykorzystując wiedzę zdobytą w trakcie zajęć oraz porównanie uzyskanych wyników z danymi literaturowymi

Wymagania wstępne i dodatkowe

Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się

Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
obserwacja samodzielnej pracy studenta	51.0%	10.0%
kolokwium (3x, 25 min)	51.0%	75.0%
raport pisemny	51.0%	15.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	1. Brodie J., Lewis J. 2007. Unravelling the algae. The past, present, and future of algal systematics. The Systematics Associa-tion special Volume Series 75. CRC Press. Boca Raton. 2. Hall B.G. 2008. Łatwe drzewa filogenetyczne. Poradnik użytkownika. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego. Warszawa. 3. Higgs P.G., Attwood T.K. 2008. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa. 4. Jura C. 1997. Bezkręgowce. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa. 5. Krawczyk B., Kur J. 2008. Diagnostyka molekularna w mikrobiologii. Wydawnictwo Politechniki Gdańskiej. Gdańsk. 6. Nowak Z., Gruszczyńska J. 2007. Wybrane techniki i metody analizy DNA. Wydawnictwo SGGW. Warszawa. 7. Szweykowska A., Szweykowski J. 2005. Botanika. Systematyka. Tom 2. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa. 8. Weiner J. 1999. Życie i ewolucja biosfery. Podręcznik ekologii ogólnej. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.8. Węgleński P. (red.). 2003. Genetyka molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.
	Uzupełniająca lista lektur	1. Ansorge J.W. 2009. Next-generation DNA sequencing techniques. New Biotechnology. 25(4): 195-203. 2. Kircher M., Kelso J. 2010. High-throughput DNA sequencing concepts and limitations. Bioessays. 32: 524-536. 3. Spalik K., Piwczyński M. 2009. Rekonstrukcja filogenezy i wnioskowanie filogenetyczne w badaniach ewolucyjnych. Kosmos. Problemy nauk biologicznych. 58(3-4): 485-498.
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.