

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Population genetics (Ćw. laboratoryjne), PG_00179661						
Kierunek studiów	Ochrona środowiska (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2027/2028		
Poziom kształcenia	II stopnia		Grupa zajęć		Grupa zajęć fakultatywnych		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	2		Język wykładowy		angielski		
Semestr studiów	4		Liczba punktów ECTS		1.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr hab. Andre Viola De Moura				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	10.0	0.0	0.0	10
	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	10		5.0		10.0	25
Cel przedmiotu	- Zapoznanie się z metodami bioinformatycznymi do obliczania podstawowych statystyk z zakresu genetyki populacji - Zrozumienie podstawowych procesów kontroli jakości danych genetycznych - Zapoznanie się z pakietami oprogramowania powszechnie używanymi do analiz genetycznych populacji - Prawidłowa interpretacja statystyk genetycznych populacji w kategoriach podstawowego procesu biologicznego						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[OŚMU2_U07] Posiada zaawansowane umiejętności prezentacji wyników własnych badań, dyskusji w oparciu o dane literaturowe oraz wystąpień publicznych, w tym prowadzenia debaty.	- Przedstawia prawidłowe biologiczne interpretacje różnych wzorców genetycznych populacji	[SU5] realizacja zadania problemowego
	[OŚMU2_U02] Stosuje zaawansowane techniki pomiarowe i analityczne wykorzystywane w ochronie środowiska.	- Prawidłowo przeprowadza analizy genetyczne populacji dostarczonych zestawów danych w sposób odpowiedni dla przedstawionego problemu.	[SU5] realizacja zadania problemowego
	[OŚMU2_W02] Posiada pogłębioną wiedzę na temat metod statystycznych oraz modelowania w ochronie środowiska.	- Prawidłowo korzysta z różnych powszechnie używanych programów do analizy genetycznej populacji	[SW5] realizacja zadania problemowego
	[OŚMU2_K10] Ma potrzebę ciągłego rozwoju zawodowego.	- Przedstawia prawidłowe biologiczne interpretacje różnych wzorców genetycznych populacji	[SK5] realizacja zadania problemowego
	[OŚMU2_U04] W sposób krytyczny analizuje dane doświadczalne z zakresu ochrony środowiska metodami statystycznymi oraz modelowania z wykorzystaniem technik i narzędzi informatycznych.	- Prawidłowo korzysta z różnych powszechnie używanych programów do analizy genetycznej populacji - Przedstawia prawidłowe biologiczne interpretacje różnych wzorców genetycznych populacji	[SU5] realizacja zadania problemowego
	[OŚMU2_W04] Wybiera metody, techniki i narzędzia badawcze stosowane w ochronie środowiska.	- Prawidłowo przeprowadza analizy genetyczne populacji dostarczonych zestawów danych w sposób odpowiedni dla przedstawionego problemu.	[SW5] realizacja zadania problemowego
	[OŚMU2_U10] Posługuje się językiem polskim/angielskim w zakresie ochrony środowiska zgodnie z wymaganiami określonymi dla poziomu B2+ Europejskiego Systemu Opisu Kształcenia Językowego.	- Prawidłowo przeprowadza analizy genetyczne populacji dostarczonych zestawów danych w sposób odpowiedni dla przedstawionego problemu. - Przedstawia prawidłowe biologiczne interpretacje różnych wzorców genetycznych populacji	[SU5] realizacja zadania problemowego
[OŚMU2_K06] Uznaje znaczenie wiedzy w rozwiązywaniu napotkanych problemów poznawczych i praktycznych oraz zasięga opinii ekspertów w przypadku trudności z samodzielnym rozwiązaniem problemu.	- Przedstawia prawidłowe biologiczne interpretacje różnych wzorców genetycznych populacji	[SK5] realizacja zadania problemowego	
Treści przedmiotu	- Obliczanie podstawowych miar różnorodności genetycznej, takich jak heterozygotyczność, statystyka F i równowaga Hardy'ego-Weinberga. - Bioinformatyczne przetwarzanie danych sekwencji genetycznych i danych mikrosatelitarnych - Podstawowa kontrola jakości danych genetycznych - Metody analityczne do wnioskowania o strukturze populacji - Podstawowe metody analityczne dla genetyki konserwatorskiej		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Ćwiczenia w klasie	50.0%	100.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	Goudet, J., FSTAT (Version 1.2) (1995). A Computer Program to Calculate F-Statistics, <i>Journal of Heredity</i> 86: 485-486, Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J.C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S.E., Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. <i>Molecular Biology and Evolution</i> 34: 3299-3302 Peakall, R. and Smouse P.E. (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. <i>Bioinformatics</i> 28, 2537-2539. Pritchard, J.K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. <i>Genetics</i>, 155: 945-959 Waples, R.S. & Do, C. (2008), Ldne: a program for estimating effective population size from data on linkage disequilibrium. <i>Molecular Ecology Resources</i>, 8: 753-756 Piry, S., Luikart, G., Cornuet, J-M. (1999), Computer note. BOTTLENECK: a computer program for detecting recent reductions in the effective size using allele frequency data, <i>Journal of Heredity</i>, 90: 502-503
	Uzupełniająca lista lektur	Chybicki, I.J., Oleksa, A. & Kowalkowska, K. (2012) Variable rates of random genetic drift in protected populations of English yew: implications for gene pool conservation. <i>Conservation Genetics</i>, 13: 899-911 Moura AE, Tsingarska E, Dąbrowski MJ, Czarnomska SD, Jędrzejewska B, Pilot M (2014) Unregulated hunting and genetic recovery from a severe population decline: the cautionary case of Bulgarian wolves. <i>Conservation Genetics</i>, 15:405-417. Moura AE, Nielsen SCA, Vilstrup JT, Moreno-Mayar J V., Gilbert MTP, Gray H, Natoli A, Moller L, Hoelzel AR (2013) Recent Diversification of a Marine Genus (<i>Tursiops</i> spp.) Tracks Habitat Preference and Environmental Change. <i>Systematic Biology</i> 62:865-877.
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Oblicz statystykę F dla podanego zbioru danych. Wskaż populacje o najwyższych i najniższych wartościach odpowiednich parametrów. Co mówi nam współczynnik wsobności Fis? Scharakteryzuj dwie populacje, tj. parę populacji wykazujących najwyższe poziomy Fst, wskazując potencjalne czynniki dywergencji. Korzystając z dostarczonych danych, wykonaj test Wilcozona, aby wywnioskować nagłe zmniejszenie wielkości populacji. Które populacje doświadczyły efektu wąskiego gardła w najnowszej historii gatunku?	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.