

**KAPITAŁ LUDZKI**
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCIProjekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego**UNIA EUROPEJSKA**
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY

Nazwa przedmiotu		Kod ECTS	
Taksonomia i filogenetyka molekularna		13.1.0332	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Katedra Ewolucji Molekularnej			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia
Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki	Bioinformatyka	forma	stacjonarne
		moduł	Podstawowa
		specjalnościowy	Podstawowa
		specjalizacja	Podstawowa
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
prof. dr hab. Marek Zięta; prof. dr hab. Jarosław Marszałek; mgr Damian Brodzik; mgr Jacek Kominek; dr Marcin Górniak; mgr Agata Mieszkowska			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		5 Przedmiot w wymiarze 30h wykładu i 30h ćwiczeń w laboratorium + praca własna	
Wykład, Ćw. laboratoryjne			
Sposób realizacji zajęć			
zajęcia w sali dydaktycznej			
Liczba godzin			
Wykład: 30 godz., Ćw. laboratoryjne: 30 godz.			
Cykl dydaktyczny			
2017/2018 zimowy			
Status przedmiotu		Język wykładowy	
obowiązkowy		polski	
Metody dydaktyczne		Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne	
<ul style="list-style-type: none"> - praca własna - przygotowanie się do egzaminu - wykład - ćwiczenia laboratoryjne - wykonywanie doświadczeń 		Sposób zaliczenia	
		<ul style="list-style-type: none"> - Zaliczenie na ocenę - Egzamin 	
		Formy zaliczenia	
		egzamin pisemny z pytaniami (zadaniami) otwartymi	
		Podstawowe kryteria oceny	
		Wykład zakończy się egzaminem pisemnym. W przypadku pytań testowych student będzie wybierał jedną z możliwych odpowiedzi i krótko uzasadniał swój wybór lub syntetycznie odpowiadał na pytania otwarte. Pytania będą mogły być ilustrowane odpowiednim wykresem, schematem etc. Egzamin będzie sprawdzał zarówno wiedzę jak też umiejętności studenta.	
		Ćwiczenia: W ramach ćwiczeń studenci będą nabywali przede wszystkim umiejętności. Będą one weryfikowane na bieżąco przez prowadzących ćwiczenia. W czasie ćwiczeń prowadzący będzie również sprawdzał wiedzę studentów związaną bezpośrednio z nabywanymi umiejętnościami (pytania, dyskusja). Prowadzący będzie oceniał umiejętności i wiedzę każdego studenta tak, że w momencie zakończenia ćwiczeń każdy student będzie miał minimum 4 oceny.	
		Ocena końcowa: 60% oceny końcowej to ocena egzaminu. 40% oceny końcowej to ocena średnia z ćwiczeń.	

Sposób weryfikacji założonych efektów kształcenia								
zakładany efekt kształcenia	Egzamin	Ocena aktywności na zajęciach	mtd. dydak 3	mtd. dydak 4	mtd. dydak 5	mtd. dydak 6	mtd. dydak 7	mtd. dydak 8
Wiedza								
K_W01	+	+						
K_W02	+	+						
K_W08	+	+						
Umiejętności								
K_U01	+	+						
K_U09	+	+						

Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi**A. Wymagania formalne**

Student powinien wcześniej zaliczyć przedmioty:

1. Biochemia,
2. Biologia molekularna,
3. Biologia komórki,
4. Bioróżnorodność i ewolucja,
5. Statystyka.

B. Wymagania wstępne**Cele kształcenia**

Zapoznanie studentów z molekularnymi aspektami ewolucji oraz metodami bioinformatycznymi stosowanymi w badaniach ewolucyjnych. Zostanie wykazane, że teoria ewolucji umożliwia powiązanie pozornie odległych dziedzin badań biologicznych i bio-medycznych w jednorodny system.

Treści programowe

Różnorodność genetyczna na poziomie molekularnym: geny, kod genetyczny, mutacje. Zmienność genetyczna na poziomie populacji. Dobór naturalny, ewolucja neutralna, ewolucja molekularna. Dynamika zmian sekwencji DNA i zegar molekularny. Filogeneza i taksonomia molekularna: zastosowanie metod bioinformatycznych. Ewolucja białek. Ewolucja genomów. Praktyczne znaczenie doboru naturalnego: ewolucja w laboratorium.

Wykaz literatury

Wykaz literatury podstawowej:

- Łatwe drzewa filogenetyczne. Hall Barry (2008) Warszawa, Wyd. UW
 Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Avise John C (2008) Warszawa. Wyd. UW
 Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Paul G. Higgins, Tersa K. Attwood (2008) Warszawa, PWN
 Bioinformatyka-podręcznik do analizy genów i białek. A.D. Baxevanisa i B.F.F. Ouellette'a (2004) Warszawa PWN
 Ekologia molekularna. Joanna R. Freeland (2008) Warszawa PWN
 i uzupełniającej:
 Fundamentals of molecular evolution. Graur D, Li W-H (2000);
 A primer of population genetics. Hartl DL (2000);
 Ewolucja. Futuyama Douglas (2008) Warszawa Wyd.UW

Efekty kształcenia (obszarowe i kierunkowe)

K_W01 ma ogólną wiedzę w zakresie matematyki, biologii, chemii i fizyki pozwalającą na rozumienie podstawowych procesów biologicznych
 K_W02 ma wiedzę z zakresu matematyki, biologii, chemii i fizyki w zakresie niezbędnym do opisu, interpretacji i modelowania podstawowych zjawisk i procesów biologicznych
 K_W08 ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w naukach ścisłych i przyrodniczych
 K_U01 potrafi zastosować wiedzę matematyczną i informatyczną do formułowania, analizowania i rozwiązywania prostych zadań związanych z bioinformatyką

Wiedza

Student zna:

1. Struktury kwasów nukleinowych i białek oraz przepływ informacji genetycznej w komórce.
2. Źródła zmienności genetycznej, rodzaje markerów molekularnych, sposoby ich dziedziczenia oraz procesy kształtujące zmienność genetyczną populacji.
3. Podejście naturalistów i selekjonistów oraz wybrane modele ewolucji DNA.
4. Zasadę działania zegara molekularnego.
5. Wybrane metody konstrukcji i interpretacji drzew filogenetycznych opartych o sekwencje DNA i białek.
6. Zasady ewolucji sekwencji, struktury i funkcji białek.
7. Znaczenie duplikacji genów kodujących białka w procesie ewolucji.
8. Znaczenie podejścia ewolucyjnego w doświadczalnych badaniach procesów biochemicznych.

K_U09 stosuje wybrane techniki i narzędzia badawcze z dziedzin nauk przyrodniczych i ścisłych	Umiejętności Student potrafi: <ol style="list-style-type: none">1. Klasyfikować kwasy nukleinowe oraz wykonać replikację, transkrypcję i translację.2. Oszacować zmienność genetyczną.3. Wybrać odpowiedni marker molekularny do rozwiązania zadanego problemu filogenetycznego.4. Edytować i dopasować oraz pozyskać z banku danych homologiczne sekwencje DNA.5. Konstruować, opisać i interpretować proste drzewa filogenetyczne.6. Znajdować sekwencje genów kodujących białka w dostępnych bazach danych, w oparciu o sekwencje nukleotydowe i aminokwasowe.7. Identyfikować homologiczne geny w sekwencjach genomowych.7. Przygotowywać wielogenowe zestawienia sekwencji białek.8. Konstruować drzewa filogenetyczne białek.9. Analizować różnicowanie białek na poziomie sekwencji nukleotydowej kodujących je genów oraz sekwencji aminokwasowej.10. Interpretować ewolucję białek na poziomie kodonów.11. Opracowywać scenariusze ewolucyjne w oparciu o zestawienie sekwencji, topologię drzewa filogenetycznego oraz analizę różnicowania sekwencji i funkcji białek.
	Kompetencje społeczne (postawy)
Kontakt	
marek.zietara@biol.ug.edu.pl	