

**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		13.1.0970	
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 Agata Mieszkowska; dr Marcin Górniak; mgr Jacek Kominek; dr Bartłomiej Tomiczek			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		4 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.			
Termin realizacji przedmiotu			
2021/2022 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"> - Wykonywanie doświadczeń - praca własna - przygotowanie się do egzaminu 		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_U08	+	+						

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

Kierunkowe efekty kształcenia

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
 K_U08 stosuje wybrane techniki i narzędzia badawcze z

Wiedza

Student zna:

1. Struktury kwasów nukleinowych i białek oraz przepływ informacji genetycznej w komórce. (K_W01)
2. Źródła zmienności genetycznej, rodzaje markerów molekularnych, sposoby ich dziedziczenia oraz procesy kształtujące zmienność genetyczną populacji. (K_W01)
3. Podejście naturalistów i selekjonistów oraz wybrane modele ewolucji DNA. (K_W02)
4. Zasadę działania zegara molekularnego. (K_W08)
5. Wybrane metody konstrukcji i interpretacji drzew filogenetycznych opartych o sekwencje DNA i białek. (K_W08)
6. Zasady ewolucji sekwencji, struktury i funkcji białek. (K_W02)
7. Znaczenie duplikacji genów kodujących białka w procesie ewolucji. (K_W02)
8. Znaczenie podejścia ewolucyjnego w doświadczalnych badaniach procesów biochemicznych. (K_W02)

dziedzin nauk przyrodniczych i ścisłych	<p>Umiejętności</p> <p>Student potrafi:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Klasyfikować kwasy nukleinowe oraz wykonać replikację, transkrypcję i translację. (K_U01) 2. Oszacować zmienność genetyczną. (K_U01) 3. Wybrać odpowiedni marker molekularny do rozwiązania zadanego problemu filogenetycznego. (K_U01) 4. Edytować i dopasować oraz pozyskać z banku danych homologiczne sekwencje DNA. (K_U08) 5. Konstruować, opisać i interpretować proste drzewa filogenetyczne. (K_U08) 6. Znajdować sekwencje genów kodujących białka w dostępnych bazach danych, w oparciu o sekwencje nukleotydowe i aminokwasowe. (K_U08) 7. Identyfikować homologiczne geny w sekwencjach genomowych. (K_U08) 7. Przygotowywać wielogenowe zestawienia sekwencji białek. (K_U08) 8. Konstruować drzewa filogenetyczne białek. (K_U08) 9. Analizować różnicowanie białek na poziomie sekwencji nukleotydowej kodujących je genów oraz sekwencji aminokwasowej. (K_U08) 10. Interpretować ewolucję białek na poziomie kodonów. (K_U01) 11. Opracowywać scenariusze ewolucyjne w oparciu o zestawienie sekwencji, topologię drzewa filogenetycznego oraz analizę różnicowania sekwencji i funkcji białek.(K_U01)
	<p>Kompetencje społeczne (postawy)</p>
<p>Kontakt</p> <p>marek.zietara@biol.ug.edu.pl</p>	