



KAPITAŁ LUDZKI
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

Projekt współfinansowany przez
Unię Europejską w ramach
Europejskiego Funduszu
Społecznego

UNIA EUROPEJSKA
EUROPEJSKI
FUNDUSZ SPOŁECZNY



Nazwa przedmiotu		Kod ECTS	
Filogenetyka molekularna		13.1.2006	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	pierwszego stopnia
Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki	Bioinformatyka	forma	stacjonarne
		moduł	Podstawowa
		specjalnościowy	wszystkie
	specjalizacja		
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
prof. dr hab. Marek Ziętara; prof. dr hab. Jarosław Marszałek; dr Bartłomiej Tomiczek			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		5	
Wykład, Ćw. laboratoryjne		•Wykład: ECTS	
Sposób realizacji zajęć		•Zajęcia 30 godz.	
zajęcia w sali dydaktycznej		•Praca własna 30 godz.	
Liczba godzin		•Ćwiczenia: ECTS	
Ćw. laboratoryjne: 45 godz., Wykład: 30 godz.		•Zajęcia 45 godz.	
		•Konsultacje 10 godz.	
		•Praca własna studenta 45 godz.	
Termin realizacji przedmiotu			
2025/2026 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"> - Dyskusja - Wykład z prezentacją multimedialną - omówienie zagadnień przez prowadzącego i studentów •pisemne sprawozdanie z aktywności prowadzonych w ramach ćwiczeń laboratoryjnych •praca z literaturą anglojęzyczną oraz zasobami komputerowymi •wykorzystanie oprogramowania oraz pisanie krótkich programów •praca własna studenta 		Sposób zaliczenia	
		Egzamin	
		Formy zaliczenia	
		<ul style="list-style-type: none"> •zaliczenie wykładu: sprawdzian pisemny z otwartymi i testowymi pytaniami •zaliczenie ćwiczeń: sprawdzian pisemny z otwartymi i testowymi pytaniami, • udział w dyskusji •sprawozdanie pisemne z aktywności realizowanych w ramach ćwiczeń 	
		Podstawowe kryteria oceny	

Obecność na zajęciach jest obowiązkowa. Dopuszczalna jest jedna nieobecność, która powinna być usprawiedliwiona na następnych zajęciach. Treści powinny być uzupełnione w uzgodnieniu z prowadzącym.

Wykład zakończy się egzaminem pisemnym. Warunkiem dopuszczenia do egzaminu jest zaliczenie ćwiczeń. 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. Warunkiem uzyskania pozytywnej oceny jest zdobycie minimum 51% punktów możliwych. Skala ocen jest zgodna z obowiązującym na Uniwersytecie Gdańskim regulaminem studiów.

Negatywna ocena z egzaminu pisemnego musi być poprawiona podczas egzaminu poprawkowego odbywającego się w oparciu o te same zasady co egzamin w pierwszym terminie.

Ćwiczenia laboratoryjne/komputerowe:

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 uczenia się

zakładany efekt kształcenia	konwersatorium	kolokwium	sprawozdanie	egzamin pisemny	egzamin ustny
	Wiedza				
KW_02		x		x	
KW_04		x		x	
	Umiejętności				
KU_01	x	x	x		
KU_05	x	x	x		
	Kompetencje				

Określenie przedmiotów wprowadzających wraz z wymogami wstępnymi

A. Wymagania formalne

Zaliczone: Bioróżnorodność i podstawy taksonomii, Bioinformatyczna analiza sekwencji, Biologia molekularna i genetyka, Genomika, Podstawy procesów stochastycznych dla bioinformatyków

B. Wymagania wstępne

Student po ukończeniu przedmiotów obowiązkowych w pierwszych czterech semestrach posiada wiedzę i umiejętności kwalifikujące go do uczestnictwa i zaliczenia przedmiotu.

Cele kształcenia

Celem zajęć jest zapoznanie studentów z metodami analiz filogenetycznych z zastosowaniem sekwencji DNA i białek. Studenci poznają zarówno teoretyczne podstawy tych analiz (KW_02) jak również nabędą wiedzę oraz umiejętności samodzielnego ich przeprowadzenia (KW_04, KU_01). Studenci nabędą umiejętność samodzielnej interpretacji własnych oraz opublikowanych wyników analiz filogenetycznych w tym umiejętność proponowania scenariuszy ewolucyjnych w oparciu o te wyniki (KU_05).

Treści programowe

Taksonomia i filogenetyka molekularna

Wykład 15 godz.

Markery molekularne stosowane w taksonomii. Analiza wyników sekwencjonowania. Pokrewieństwo i genealogia wewnątrzgatunkowa (koalescencja). Filogeografia, Zegar molekularny. Specjacja i hybrydyzacja. Modele ewolucji molekularnej sekwencji DNA. Drzewa filogenetyczne gatunków. Filogeneza gatunków a filogeneza genów. Przegląd oprogramowania do konstrukcji i weryfikacji drzew filogenetycznych w tym: Mega, Beast, J-model test, PhyML, MrBayes.

Ćwiczenia laboratoryjne/komputerowe 23 godz.

Pozyskiwanie i przygotowanie sekwencji DNA do analiz filogenetycznych. Zestawienie sekwencji i dopasowanie modelu ewolucji. Rekonstrukcja drzew filogenetycznych z zastosowaniem metod dystansowych (NJ i ME), oraz metod opartych o cechy (MP), maksymalnej wiarygodności (ML) i bayesowskich. Ocena wiarygodności drzew filogenetycznych. Zastosowanie zegara molekularnego.

Filogenetyka i ewolucja molekularna białek

Wykład 15 godz.

Modele ewolucji molekularnej sekwencji białek. Rekonstrukcja drzew filogenetycznych w oparciu o sekwencje białek. Metody weryfikacji drzew filogenetycznych. Filogeneza genów kodujących białka a filogeneza gatunków. Tempo ewolucji molekularnej oraz zegar molekularny. Neutralna teoria ewolucji oraz typy doboru działającego na geny kodujące białka. Duplikacja, poziomy transfer oraz ewolucja rodzin genów kodujących białka. Przewidywanie sekwencji przodków genów kodujących białka.

Ćwiczenia laboratoryjne/komputerowe 22 godz.

Pozyskiwanie i przygotowanie sekwencji białek do analiz filogenetycznych. Zestawienie sekwencji i dopasowanie modelu ewolucji. Rekonstrukcja drzew filogenetycznych z zastosowaniem metod maksymalnej wiarygodności i bayesowskich. Ocena wiarygodności drzew filogenetycznych. Zastosowanie zegara molekularnego. Rekonstrukcja drzew filogenetycznych rodzin genów kodujących białka i ich interpretacja. Filogenetyczna rekonstrukcja sekwencji przodków.

Wykaz literatury

A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):

- Oryginalne publikacje naukowe i opracowania przygotowane przez prowadzącego i udostępnione studentom w czasie zajęć.
- Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PG Higgs i TK Atwood, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2008.
- Bioinformatyka- podręcznik do analizy genów i białek. AD Baxevanis BFF Ouellette Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2004.
- Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. JC Avise Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2008
- Łatwe drzewa filogenetyczne. Hall Barry (2008) Warszawa, Wyd. UW.

B. Literatura uzupełniająca:

- Genomes 3 T.A. Brown , 2007, Garland Science.
- Ekologia molekularna. Joanna R. Freeland (2008) Warszawa PWN.
- Brown T.A. „Genomy”, wyd. II, przekład pod red. P. Węgleńskiego, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2009.

Kierunkowe efekty uczenia się

KW_02 Ma wiedzę z nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną do zrozumienia podstaw funkcjonowania organizmów żywych
 KW_04 Ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce
 KU_01 Potrafi programować, wykorzystując nowoczesne narzędzia programistyczne, w tym narzędzia dedykowane bioinformatyce
 KU_05 Posiada umiejętność korzystania z informacji naukowej, w tym dotyczącej bioinformatyki: wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada podstawową umiejętność korzystania z właściwych baz danych.

Wiedza

1. Zna markery molekularne stosowane w taksonomii filogenetycznej.
2. Zna pojęcia genealogia i koalescencja.
3. Zna teoretyczne podstawy filogeografii, zegara molekularnego, specjacji, hybrydyzacji gatunków, oraz modele ewolucji sekwencji DNA.
4. Zna zasady rekonstrukcji drzew filogenetycznych.
5. Zna metody weryfikacji drzew filogenetycznych.
6. Zna różnice pomiędzy drzewami genów i gatunków.
7. Zna mechanizmy duplikacji i różnicowania genów.
8. Zna zasady przewidywania sekwencji ancestralnych.

Umiejętności

1. Potrafi pozyskiwać sekwencje do analiz filogenetycznych.
2. Potrafi zestawiać sekwencje i dopasowywać model ewolucji.
3. Potrafi rekonstruować drzewa filogenetyczne z zastosowaniem specjalistycznego oprogramowania.
4. Potrafi samodzielnie interpretować drzewa filogenetyczne.
5. Potrafi korzystać ze źródeł literaturowych i zasobów komputerowych w języku angielskim.
6. Potrafi ocenić wiarygodność drzew filogenetycznych stosując specjalistyczne oprogramowania.
7. Potrafi rekonstruować sekwencje przodków z zastosowaniem metod filogenetycznych.

Kompetencje społeczne (postawy)

-

Kontakt

mater.zietara@ug.edu.pl