


**KAPITAŁ LUDZKI**  
NARODOWA STRATEGIA SPÓJNOŚCI

 Projekt współfinansowany przez  
Unię Europejską w ramach  
Europejskiego Funduszu  
Społecznego

**UNIA EUROPEJSKA**  
EUROPEJSKI  
FUNDUSZ SPOŁECZNY


Nazwa przedmiotu		Kod ECTS	
Molekularna filogenetyka a taksonomia		13.1.1662	
Nazwa jednostki prowadzącej przedmiot			
Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki			
Studia			
wydział	kierunek	poziom	drugiego stopnia
Wydział Biologii	Biologia	forma	stacjonarne
		moduł	biologia środowiskowa, biologia molekularna i komórkowa, genetyka i
		specjalnościowy	biologia eksperymentalna
		specjalizacja	wszystkie
Nazwisko osoby prowadzącej (osób prowadzących)			
dr Marcin Górniak; prof. dr hab. Marek Ziętara			
Formy zajęć, sposób ich realizacji i przypisana im liczba godzin		Liczba punktów ECTS	
Formy zajęć		1	
Ćw. audytoryjne		Szacowanie czasu pracy	
Sposób realizacji zajęć		Udział w zajęciach - 15 godzin	
zajęcia w sali dydaktycznej		konsultacje - 3 godzin	
Liczba godzin		zaliczenie przedmiotu - 2 godziny	
Ćw. audytoryjne: 15 godz.		Samodzielna praca studenta - 5 godziny	
		Razem: 25 godzin	
Termin realizacji przedmiotu			
2022/2023 zimowy			
Status przedmiotu	Język wykładowy		
fakultatywny (do wyboru)	polski		
Metody dydaktyczne	Forma i sposób zaliczenia oraz podstawowe kryteria oceny lub wymagania egzaminacyjne		
	Sposób zaliczenia		
	Zaliczenie na ocenę		
	Formy zaliczenia		
	zaliczenie w formie testowej z pytaniami otwartymi		
	Podstawowe kryteria oceny		
	warunkiem zaliczenia przedmiotu jest obecność na wszystkich zajęciach		
	dopuszczalna liczba nieobecności usprawiedliwionych - 2 h		
	student ma obowiązek usprawiedliwienia nieobecności na kolejnych zajęciach		
	student ma obowiązek uzupełnić wiedzę w sposób określony przez prowadzącego w ciągu jednego tygodnia od przedłożenia usprawiedliwienia		
	Wykład zakończy się zaliczeniem 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. Zaliczenie będzie sprawdzało zarówno wiedzę jak też umiejętności studenta.		
Sposób weryfikacji założonych efektów uczenia się			

zakładany efekt kształcenia	Wykład z prezentacją multimedialną
	Wiedza
B2_W03	zaliczenie w formie testowej z pytaniami otwartymi
B2_W04	zaliczenie w formie testowej z pytaniami otwartymi
	Umiejętności
B2_U01	zaliczenie w formie testowej z pytaniami otwartymi
B2_U02	zaliczenie w formie testowej z pytaniami otwartymi

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

brak

**B. Wymagania wstępne**

Student powinien wcześniej zaliczyć przedmioty:

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

**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 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.

**Wykaz literatury**

Wykaz literatury podstawowej:

Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Avise John C (2008) Warszawa. Wyd. UW  
Łatwe drzewa filogenetyczne. Hall Barry (2008) Warszawa, Wyd. UW

i uzupełniającej:

wybrane artykuły naukowe podawane na bieżąco

**Kierunkowe efekty uczenia się**

B2\_W03, B2\_W04, B2\_W07, B2\_U01, B2\_U02

**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. Przydatne techniki molekularne.
4. Wybrane metody konstrukcji i interpretacji drzew filogenetycznych opartych głównie o sekwencje DNA.
5. Zasadę działania zegara molekularnego.
6. Wybrane zastosowania na podanych przykładach

**Umiejętności**

Student potrafi:

1. Klasyfikować kwasy nukleinowe oraz wykonać replikację, transkrypcję i translację.
2. Wybrać odpowiedni marker molekularny do rozwiązania zadanego problemu filogenetycznego i taksonomicznego.
3. Edytować i dopasować oraz pozyskać z banku danych homologiczne sekwencje DNA.
4. Konstruować, opisać i interpretować proste drzewa filogenetyczne.
5. Podać przykłady zastosowań we współczesnych badaniach.

	<b>Kompetencje społeczne (postawy)</b>
<b>Kontakt</b>	
marcin.gorniak@biol.ug.edu.pl	