

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Taksonomia molekularna organizmów morskich - ćw. laboratoryjne (Ćw. laboratoryjne), PG_00120314						
Kierunek studiów	Oceanografia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2025 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2025/2026		
Poziom kształcenia	II stopnia		Grupa zajęć		Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć fakultatywnych Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	1		Język wykładowy		polski		
Semestr studiów	1		Liczba punktów ECTS		2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Oceanografii i Geografii -> Katedra Funkcjonowania Ekosystemów Morskich						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Filip Pniewski				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	30.0	0.0	0.0	30
	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	30		5.0		25.0	60
Cel przedmiotu	Przygotowanie studentów do korzystania z nowoczesnych metod molekularnych w badaniach ewolucji i taksonomii organizmów morskich. Stworzenie podstaw do krytycznego wnioskowania na temat przydatności tych metod oraz umiejętnej oceny i interpretacji uzyskanych wyników [forma zajęć: ćwiczenia laboratoryjne i audytoryjne].						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[OCEANMU2-U04] potrafi w sposób analityczny i syntetyczny opracować wyniki badań i analiz oraz na ich podstawie prowadzić poprawne wnioskowanie	Potrafi w sposób analityczny i syntetyczny opracować wyniki badań i analiz filogenetycznych oraz na ich podstawie prowadzić poprawne wnioskowanie dotyczące ewolucji i pokrewieństwa organizmów morskich (treści programowe: 1-4)	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport
	[OCEANMU2-W04] zna i rozumie w pogłębionym stopniu najnowsze trendy badań z zakresu oceanografii a także możliwości praktycznego zastosowania osiągnięć naukowych	Zna i rozumie w pogłębionym stopniu techniki, metody badawcze oraz narzędzia (matematycznych, statystycznych, informatycznych) wykorzystywane w celu opisu ewolucji i pokrewieństwa organizmów morskich (treści programowe: 1-4)	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[OCEANMU2-U03] potrafi samodzielnie zaplanować i przeprowadzić zaawansowane badania i pomiary, zarówno w terenie jak i w laboratorium, z wykorzystaniem odpowiednio dobranych technik pomiarowych i analitycznych w zakresie oceanografii, adekwatnie do studiowanej specjalności i rozważanego problemu badawczego	Potrafi samodzielnie zaplanować oraz przeprowadzić badania i wykonać pomiary w laboratorium, z wykorzystaniem odpowiednio dobranych technik pomiarowych i analitycznych w zakresie filogenetyki organizmów morskich (treści programowe: 1-4)	[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[OCEANMU2-K05] jest gotów do stosowania się do zasad bezpieczeństwa i higieny pracy, dbania o powierzony mu sprzęt specjalistyczny oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia i podejmowania odpowiednich działań	Jest gotów do stosowania się do zasad bezpieczeństwa i higieny pracy w laboratorium biologii molekularnej, dbania o powierzony mu sprzęt specjalistyczny oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia w pracy z odczynnikami i sprzętem stosowanym w badaniach nad filogenetyką organizmów morskich (treści programowe: 1)	[SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
Treści przedmiotu	1. Podstawowe techniki molekularne w badaniach filogenetycznych: izolacja DNA, elektroforeza w żelu agarozowym, PCR, oczyszczanie produktów PCR 2. Sekwencjonowanie sekwencjonowane klasyczne, next-generation sequencing. 3. Zastosowanie narzędzi bioinformatycznych w badaniach filogenetycznych: przygotowanie sekwencji do analiz filogenetycznych, zapoznanie studentów z molekularnymi bazami danych, wybór sekwencji w zależności od celu zadania badawczego i przygotowanie dopasowania sekwencji, wykreślanie drzew filogenetycznych wykorzystując różne programy komputerowe, szacowanie wiarygodności otrzymanych drzew, interpretacja uzyskanych OUT, zegar molekularny. 4. Samodzielna rekonstrukcja filogenezy wybranej grupy organizmów wykorzystując wiedzę zdobytą w trakcie zajęć oraz porównanie uzyskanych wyników z danymi literaturowymi		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	raport pisemny	51.0%	20.0%
	kolokwium (3x, 25 min)	51.0%	75.0%
	obserwacja samodzielnej pracy studenta	100.0%	5.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	1. Brodie J., Lewis J. 2007. Unravelling the algae. The past, present, and future of algal systematics. The Systematics Association special Volume Series 75. CRC Press. Boca Raton. 2. Hall B.G. 2008. Łatwe drzewa filogenetyczne. Poradnik użytkownika. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego. Warszawa. 3. Higgs P.G., Attwood T.K. 2008. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa. 4. Jura C. 1997. Bezkręgowce. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa. 5. Krawczyk B., Kur J. 2008. Diagnostyka molekularna w mikrobiologii. Wydawnictwo Politechniki Gdańskiej. Gdańsk. 6. Nowak Z., Gruszczyńska J. 2007. Wybrane techniki i metody analizy DNA. Wydawnictwo SGGW. Warszawa. 7. Szweykowska A., Szweykowski J. 2005. Botanika. Systematyka. Tom 2. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa. 8. Weiner J. 1999. Życie i ewolucja biosfery. Podręcznik ekologii ogólnej. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa. 8. Węgleński P. (red.). 2003. Genetyka molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.
	Uzupełniająca lista lektur	1. Ansorge J.W. 2009. Next-generation DNA sequencing techniques. New Biotechnology. 25(4): 195-203. 2. Kircher M., Kelso J. 2010. High-throughput DNA sequencing concepts and limitations. Bioessays. 32: 524-536. 3. Spalik K., Piwarczyński M. 2009. Rekonstrukcja filogenezy i wnioskowanie filogenetyczne w badaniach ewolucyjnych. Kosmos. Problemy nauk biologicznych. 58(3-4): 485-498.
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.