

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Bioróżnorodność i podstawy taksonomii, PG_00157842						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2025 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2025/2026		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie		Grupa zajęć				
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	1		Język wykładowy		polski		
Semestr studiów	1		Liczba punktów ECTS		5.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		egzamin		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		prof. dr hab. Marek Ziętara				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		prof. dr hab. Marek Ziętara dr Aleksandra Naczek dr Natalia Olędryńska prof. dr hab. Martin Kukwa dr Agata Jurczak-Kurek dr hab. Mateusz Ciechanowski dr Joanna Dzido				
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	20.0	0.0	30.0	0.0	0.0	50
	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	50		10.0		65.0	125
Cel przedmiotu	Celem zajęć jest zapoznanie studentów z różnorodnością form życia oraz zasadami ich klasyfikacji taksonomicznej. W ramach zajęć studenci poznają przedstawicieli najważniejszych grup organizmów ze szczególnym uwzględnieniem gatunków modelowych (KW_02). Studenci nabędą umiejętność rozpoznawania typowych przedstawicieli omawianych grup organizmów oraz umiejętność przypisania im pozycji taksonomicznej (KW_04, KU_05). Studenci nabędą również umiejętność interpretowania zróżnicowania organizmów w kontekście ich powiązań filogenetycznych.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[BIOINL3_U05] Posiada umiejętność korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej bioinformatyki; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada podstawową umiejętność korzystania z właściwych baz danych	Student potrafi: 1. Rozpoznać przedstawicieli grup organizmów omawianych na zajęciach. 2. Określić pozycję taksonomiczną dowolnego przedstawiciela grup organizmów omawianych na zajęciach. 3. Mapować kluczowe cechy diagnostyczne omawianych organizmów na drzewach filogenetycznych. 4. Potrafi wykorzystać publikacje naukowe i zasoby elektroniczne w tym bazy danych w języku angielskim do określenia pozycji taksonomicznej organizmów.	[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SU3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna
	[BIOINL3_W02] Ma wiedzę z nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną do zrozumienia podstaw funkcjonowania organizmów żywych	Student zna: 1. Różnorodne formy życia i zasady ich klasyfikacji taksonomicznej. 2. Najważniejsze organizmy modelowe należące do grup organizmów omawianych na zajęciach.	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[BIOINL3_K04] Ma świadomość ważności zasad bezpieczeństwa i ergonomii pracy; stosuje zasady bezpieczeństwa pracy; jest odpowiedzialny za bezpieczeństwo swoje i innych; potrafi postępować w sytuacjach zagrożenia	Student ma świadomość ważności zasad bezpieczeństwa i ergonomii pracy; stosuje zasady bezpieczeństwa pracy; jest odpowiedzialny za bezpieczeństwo swoje i innych; potrafi postępować w sytuacjach zagrożenia.	[SK1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[BIOINL3_W04] Ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce	Student zna: 1. Student rozróżnia zasady taksonomii od pokrewieństwa filogenetycznego organizmów.	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
Treści przedmiotu	<i>Wykład 20 godz.</i> Przegląd wybranych przedstawicieli i zasad klasyfikacji taksonomicznej (2 godz.): wirusów (2 godz.), archeonów (1 godz.), bakterii (1 godz.), roślin (4 godz.), bezkręgowców (4 godz.), kręgowców (w tym człowieka) (4godz.) i grzybów (2 godz.). Wyjaśnienie pojęcia organizm modelowy oraz przegląd najważniejszych organizmów modelowych należących do w/w grup organizmów. <i>Ćwiczenia laboratoryjne 30 godz.</i> Samodzielne zapoznanie się z wybranymi przedstawicielami grup organizmów omawianych w ramach wykładu - praktyczne poznanie zasad ich klasyfikacji taksonomicznej. Nabycie umiejętności określenia pozycji taksonomicznej dowolnego organizmu należącego do grupy organizmów omawianych w ramach zajęć. Konstrukcja drzew filogenetycznych ilustrujących pokrewieństwo omawianych organizmów z uwzględnieniem mapowania kluczowych cech diagnostycznych na drzewie filogenetycznym.		

Wymagania wstępne i dodatkowe	1. Obecność na zajęciach jest obowiązkowa, a w razie nieobecności należy ją usprawiedliwić zgodnie z par. 12 Regulaminu Studiów UG. 2. Warunkiem zaliczenia wykładu jest obecność na co najmniej 80% zajęć, natomiast warunkiem zaliczenia ćwiczeń jest uczestnictwo w co najmniej 85% zajęć. 3. 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. 4. Negatywna ocena z egzaminu pisemnego musi być poprawiona podczas egzaminu poprawkowego odbywającego się w oparciu o te same zasady co egzamin w pierwszym terminie. 5. Umiejętności nabywane podczas ćwiczeń będą weryfikowane na bieżąco przez prowadzących zajęcia. W czasie ćwiczeń prowadzący będzie również sprawdzał wiedzę studentów związaną bezpośrednio z nabywanymi umiejętnościami (pytania, dyskusja). Prowadzący będzie ocenił umiejętności i wiedzę każdego studenta tak, że w momencie zakończenia ćwiczeń każdy student będzie miał minimum 4 oceny.											
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	<table><tr><th>Sposób oceniania (składowe)</th><th>Próg zaliczeniowy</th><th>Składowa oceny końcowej</th></tr><tr><td>Egzamin pisemny</td><td>51.0%</td><td>60.0%</td></tr><tr><td>Laboratorium - średnia ocen cząstkowych</td><td>51.0%</td><td>40.0%</td></tr></table>	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej	Egzamin pisemny	51.0%	60.0%	Laboratorium - średnia ocen cząstkowych	51.0%	40.0%		
Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej										
Egzamin pisemny	51.0%	60.0%										
Laboratorium - średnia ocen cząstkowych	51.0%	40.0%										
Zalecana lista lektur	<table><tr><td>Podstawowa lista lektur</td><td colspan="2">Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu): • Maćkowiak M. Michalak A. Biologia: jedność i różnorodność. PWN, Warszawa 2008 • Szejnkwaska A Szejkowski J. Botanika I i II PWN, Warszawa 2006 • Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. JC Avise Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2008 • Wijayawardene N.N. i inni 2020. Outline of Fungi and fungi-like taxa. Mycosphere 11(1): 10601456. https://doi.org/10.5943/mycosphere/11/1/8 • Guzew-Krzemińska B., Kukwa M. 2013. Metody badawcze we współczesnej taksonomii porostów. Kosmos 62(1): 95103. • Baj J., Markiewicz Z. Biologia molekularna bakterii. PWN, Warszawa 2012 • Piekarczyk A. Podstawy wirusologii molekularnej. PWN, Warszawa 2013 • Xiong Jin. Podstawy bioinformatyki. Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2010 • Hall Barry. Łatwe drzewa filogenetyczne. Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2008 • Douglas Futuyma. Ewolucja, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2005 </td></tr><tr><td>Uzupełniająca lista lektur</td><td colspan="2">Brak</td></tr><tr><td>Adresy eZasobów</td><td colspan="2"></td></tr></table>	Podstawowa lista lektur	Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu): • Maćkowiak M. Michalak A. Biologia: jedność i różnorodność. PWN, Warszawa 2008 • Szejnkwaska A Szejkowski J. Botanika I i II PWN, Warszawa 2006 • Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. JC Avise Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2008 • Wijayawardene N.N. i inni 2020. Outline of Fungi and fungi-like taxa. Mycosphere 11(1): 10601456. https://doi.org/10.5943/mycosphere/11/1/8 • Guzew-Krzemińska B., Kukwa M. 2013. Metody badawcze we współczesnej taksonomii porostów. Kosmos 62(1): 95103. • Baj J., Markiewicz Z. Biologia molekularna bakterii. PWN, Warszawa 2012 • Piekarczyk A. Podstawy wirusologii molekularnej. PWN, Warszawa 2013 • Xiong Jin. Podstawy bioinformatyki. Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2010 • Hall Barry. Łatwe drzewa filogenetyczne. Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2008 • Douglas Futuyma. Ewolucja, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2005		Uzupełniająca lista lektur	Brak		Adresy eZasobów				
Podstawowa lista lektur	Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu): • Maćkowiak M. Michalak A. Biologia: jedność i różnorodność. PWN, Warszawa 2008 • Szejnkwaska A Szejkowski J. Botanika I i II PWN, Warszawa 2006 • Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. JC Avise Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2008 • Wijayawardene N.N. i inni 2020. Outline of Fungi and fungi-like taxa. Mycosphere 11(1): 10601456. https://doi.org/10.5943/mycosphere/11/1/8 • Guzew-Krzemińska B., Kukwa M. 2013. Metody badawcze we współczesnej taksonomii porostów. Kosmos 62(1): 95103. • Baj J., Markiewicz Z. Biologia molekularna bakterii. PWN, Warszawa 2012 • Piekarczyk A. Podstawy wirusologii molekularnej. PWN, Warszawa 2013 • Xiong Jin. Podstawy bioinformatyki. Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2010 • Hall Barry. Łatwe drzewa filogenetyczne. Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2008 • Douglas Futuyma. Ewolucja, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2005											
Uzupełniająca lista lektur	Brak											
Adresy eZasobów												
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Nie dotyczy											
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy											

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.