

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Geny i populacje w czasie i przestrzeni, PG_00156401						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2028/2029		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie	Grupa zajęć			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	3	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	5	Liczba punktów ECTS			3.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Ewolucji Molekularnej i Bioinformatyki						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Aleksandra Naczk				
	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		0.0		45.0	75
Cel przedmiotu	Zrozumienie podstaw zmienności dziedzicznej i niedziedzicznej, metod jej opisu oraz efektów działania różnych czynników ewolucyjnych, kształtujących równowagę genetyczną w populacjach, w czasie i przestrzeni.						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[BIOINL3_W04] Ma zaawansowaną wiedzę w zakresie technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce		Identyfikuje procesy ewolucyjne wpływające na wzorce zmienności genetycznej w populacjach naturalnych. Rozumie przyczyny zróżnicowanej częstości cech w populacjach naturalnych. Rozumie rozkłady zmienności genetycznej lokalnych populacji w przestrzeni.		[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/dyskusja [SW2] prezentacja/projekt/referat/raport [SW3] opracowanie tekstowe/praca pisemna		
	[BIOINL3_U02] Potrafi zastosować wiedzę z nauk przyrodniczych i ścisłych do formułowania, analizowania i rozwiązywania problemów związanych z bioinformatyką		Potrafi obliczyć i analizować parametry zmienności genetycznej w populacjach roślin i zwierząt z wykorzystaniem wzorów i programów komputerowych. Potrafi zastosować wiedzę na temat zmienności genetycznej w populacjach roślin i zwierząt do formułowania i rozwiązywania problemów bioinformatycznych.		[SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/dyskusja [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU3] opracowanie tekstowe/praca pisemna		

Treści przedmiotu	<p>1. Zmienność dziedziczna i niedziedziczna.</p> <p>2. Polimorfizm genetyczny.</p> <p>3. Przepływ genów w populacjach w czasie i przestrzeni.</p> <p>4. Problem depresji inbredowej w ochronie gatunków zagrożonych.</p> <p>5. Czynniki naruszające równowagę genetyczną w populacjach.</p> <p>6. Zmienność geograficzna wybranych gatunków roślin i zwierząt.</p> <p>7. Genetyka konserwatorska.</p> <p>8. Struktura genetyczna populacji.</p> <p>9. Sieci haplotypów.</p> <p>10. Efektywna wielkość populacji.</p>								
Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>-wymagania wstępne:</p> <p>Student po ukończeniu przedmiotów obowiązkowych w pierwszych trzech semestrach posiada wiedzę i umiejętności kwalifikujące go do uczestnictwa i zaliczenia przedmiotu</p> <p>-wymagania formalne:</p> <p>Ukończone przedmioty:</p> <p>Bioróżnorodność i podstawy taksonomii</p> <p>Biologia komórki i metabolizm</p> <p>Biologia molekularna i genetyka</p>								
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Sposób oceniania (składowe)</th> <th>Próg zaliczeniowy</th> <th>Składowa oceny końcowej</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>praca własna studenta w ramach kart pracy na każdych ćwiczeniach</td> <td>51.0%</td> <td>100.0%</td> </tr> </tbody> </table>	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej	praca własna studenta w ramach kart pracy na każdych ćwiczeniach	51.0%	100.0%		
Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej							
praca własna studenta w ramach kart pracy na każdych ćwiczeniach	51.0%	100.0%							
Zalecana lista lektur	<p>Podstawowa lista lektur</p> <p>Uzupełniająca lista lektur</p> <p>Adresy eZasobów</p>	<p>A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):</p> <p>A.1. wykorzystywana podczas zajęć</p> <ul style="list-style-type: none"> • Hartl D.L. Clark A.G. Podstawy genetyki populacji Uniwersytet Warszawski, Warszawa 2009 • Freeland J.R. Ekologia molekularna. PWN, Warszawa 2008 • Frankham R. Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, 2010 • H. Fletcher, I. Hickey, P. Winter. Genetyka. Krótkie wykład. PWN, 2010 <p>A.2. studiowana samodzielnie przez studenta</p> <ul style="list-style-type: none"> • Publikacje naukowe udostępnione przez nauczyciela 	<p>Brak.</p>						

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<p>Posługując się programem ARLEQUIN zostanie oszacowana frekwencja haplotypów, przeprowadzone zostaną testy neutralności, określony zostanie stopień zróżnicowania genetycznego oparty na statystyce F i analizie wariancji molekularnej AMOVA.</p> <p>Poszukiwanie regionów pod wpływem doboru naturalnego. Ocena efektywnej wielkości populacji.</p>
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.