

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Wprowadzenie do analiz filogenetycznych (Ćw. laboratoryjne), PG_00207257						
Kierunek studiów	Biologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2026/2027		
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	2		Liczba punktów ECTS		2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Biologii -> Katedra Genetyki Ewolucyjnej i Biosystematyki -> Pracownia Genomiki Ewolucyjnej Ssaków						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		prof. dr hab. Małgorzata Pilot				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	15.0	0.0	0.0	15
	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	15		1.0		34.0	50
Cel przedmiotu	Zapoznanie studentów z metodami filogenetycznymi opartymi na analizie sekwencji kwasów nukleinowych. Poznanie metod molekularnych i statystycznych umożliwiających identyfikację osobników/genotypów i ocenę zróżnicowania genetycznego. Poznanie podstawowych etapów analizy sekwencji DNA. Kształtowanie umiejętności konstruowania drzew relacji filogenetycznych w oparciu o dane molekularne. Dostarczenie informacji umożliwiających zrozumienie mechanizmów, wad i zalet oraz zastosowań podstawowych metod analiz filogenetycznych.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[BIOLMU2_W05] w pogłębionym stopniu zna i rozumie dynamiczny rozwój nauk biologicznych oraz orientuje się w nowych kierunkach i dyscyplinach badawczych	Absolwent rozumie wady, zalety i ograniczenia zastosowania poszczególnych metod analiz filogenetycznych	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
	[BIOLMU2_W04] ma pogłębioną wiedzę z zakresu wybranej specjalności nauk biologicznych	Absolwent zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w praktyce, objaśnia zasady działania podstawowych metod analiz filogenetycznych	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
	[BIOLMU2_W01] w pogłębionym stopniu zna i rozumie zjawiska i procesy przyrodnicze na różnym poziomie złożoności	Absolwent zna podstawowe metody analizy filogenetycznej i rozumie ich znaczenie w praktyce, objaśnia zasady działania podstawowych metod analiz filogenetycznych	[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja [SW5] realizacja zadania problemowego
	[BIOLMU2_U05] potrafi wykorzystywać metody statystyczne oraz techniki i narzędzia informatyczne do opisu zjawisk biologicznych i analizy danych o charakterze specjalistycznym	Absolwent wybiera odpowiedni program komputerowy i metodę analiz filogenetycznych w zależności od posiadanych danych wyjściowych	[SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SU5] realizacja zadania problemowego [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[BIOLMU2_U03] potrafi dokonywać krytycznej analizy i selekcji informacji biologicznych, zwłaszcza ze źródeł elektronicznych	Absolwent potrafi interpretować wyniki analiz filogenetycznych	[SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SU5] realizacja zadania problemowego [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
	[BIOLMU2_U01] potrafi wybierać i stosować techniki i narzędzia badawcze adekwatne do problemów studiowanej specjalności nauk biologicznych	Absolwent potrafi wybrać odpowiedni do badanego problemu marker genetyczny, optymalny model substytucji nukleotydowej, odpowiednią metodę konstrukcji drzewa oraz metodę oceny jego wiarygodności.	[SU2] prezentacja/projekt/referat/ raport [SU5] realizacja zadania problemowego [SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta
[BIOLMU2_K01] przejawia inicjatywę i jest gotów do samodzielności w działaniach oraz odczuwa potrzebę uczenia się przez całe życie	Absolwent rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i aktualizowania wiedzy z zakresu analiz filogenetycznych oraz ich praktycznego zastosowania	[SK1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja	
Treści przedmiotu	Podstawowe pojęcia stosowane w rekonstrukcji filogenezy, konstrukcja kladogramów, typy matryc danych, metody algorytmiczne i metody oparte o kryterium optymalizacji, analizy sieciowe, modele ewolucji sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, problem znalezienia najlepszego drzewa, metody oceny wiarygodności drzewa, etapy komputerowej analizy filogenetycznej sekwencji DNA. Zapoznanie się z najczęściej stosowanymi programami komputerowymi wykorzystywanymi do analiz filogenetycznych.		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	wykonanie pracy zaliczeniowej	50.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	Futuyma E. J. 2008. Ewolucja. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego, W-wa. Hall B.G. Łatwe drzewa filogenetyczne. 2008.Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, W-wa.	

	Uzupełniająca lista lektur	Felsenstein J. 2004. Inferring Phylogenies. Sinauer Associates, Sunderland, MA. Graur D., Wen-Hsiung L. 2000. Fundamentals of Molecular Evolution. Second Edition. Sinauer Associates, Sunderland, MA. Hall B.G. 2004. Phylogenetic trees made easy: A how to manual. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Podstawowe pojęcia stosowane w rekonstrukcji filogenezy, konstrukcja kladogramów, typy matryc danych, metody algorytmiczne i metody oparte o kryterium optymalizacji, analizy sieciowe, modele ewolucji sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych, problem znalezienia najlepszego drzewa, trudności w rekonstrukcji filogenezy i jej wiarygodność, etapy komputerowej analizy filogenetycznej danych sekwencyjnych, programy komputerowe wykorzystywane do analiz filogenetycznych	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.