KARTA KURSU

Nazwa	Ewolucja molekularna
Nazwa w j. ang.	Molecular evolution

Koordynator	Dr Grzegorz Migdałek	Zespół dydaktyczny
		Dr Grzegorz Migdałek
Punktacja ECTS*	1	

Opis kursu (cele kształcenia)

Celem kursu jest zaznajomienie studentów z procesami ewolucyjnymi zachodzącymi na poziomie molekularnym obejmującymi zmienność i tempo ewolucji sekwencji DNA, dynamikę i przepływ genów między organizmami, strukturę i ewolucję genomów, a także z obecnie stosowanymi technikami badań molekularnych.

Warunki wstępne

Wiedza	Posiada znajomość podstawowych pojęć i procesów z genetyki i biologii molekularnej
Umiejętności	Potrafi wyszukiwać informacje we własnym zakresie i korzystać z literatury naukowej i popularnonaukowej
Kursy	Biochemia, Podstawy genetyki z elementami inżynierii genetycznej

Efekty uczenia się

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Wiedza	W01. Potrafi wskazać źródła zmienności genetycznej organizmów	K_W01, K_W05, K_W23
	W02. Zna podstawowe założenia teorii neutralnej oraz jej obecny status	K_W01, K_W05
	W03. Zna przyczyny zmienności sekwencji DNA i różnego tempa ewolucji sekwencji	K_W08, K_W23
	W04. Rozumie procesy leżące u podstaw ewolucji genów i regionów niekodujących, w szczególności model DDC, horyzontalny transfer genów i ewolucję zespołową.	K_W05, K_W08
	W05. Rozumie różnice w ewolucji genomu prokariotycznego, eukariotycznego i genomów organelli	K_W08, K_W23

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Umiejętności	U01. Potrafi wskazać mutacje w sekwencji odpowiedzialne za widoczny polimorfizm	K_U02, K_U07
	U02. Umie wskazać marker najbardziej przydatny do analizy danego organizmu i uzasadnić jego przydatność	K_U01, K_U02, K_U07
	U03. Potrafi na podstawie poznanych metod określić rodzaj doboru działającego na sekwencje	K_U02
	U04. Potrafi dokonać interpretacji drzewa filogenetycznego wskazując istotne różnice i pokrewieństwa	K_U02
	U05. Potrafi przeprowadzić proste analizy i zaplanować badania weryfikujące hipotezy filogenetyczne	K_U02, K_U03

Kompetencje społeczne	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych

	K01 Rozumie konieczność uzupełniania wiedzy w oparciu o aktualne dane K02 W interpretacji zjawisk korzysta z podstaw empirycznych oraz metod statystycznych i narzędzi informatycznych K03 Ma świadomość swojego własnego spojrzenia na pewne mechanizmy ewolucji	K_K01 K_K03 K_K07

Organizacja													
Forma zajęć	Wykład (W)	Ćwiczenia w grupach											
		A		K		L		S		P		E	
Liczba godzin	20												

Opis metod prowadzenia zajęć

Podczas wykładów omawiane są realizowane treści, przedstawiane są schematy, zdjęcia, rysunki oraz prezentacje multimedialne.

Studenci są zachęcani do udziału w dyskusji na bieżący temat. Otrzymują również materiały dodatkowe związane z tematyką danego wykładu

Formy sprawdzania efektów kształcenia

	E – learning	Gry dydaktyczne	Ćwiczenia w szkole	Zajęcia terenowe	Praca laboratoryjna	Projekt indywidualny	Projekt grupowy	Udział w dyskusji	Referat	Praca pisemna (esej)	Egzamin ustny	Egzamin pisemny	Zaliczenie pisemne
W01								X					X
W02								X					
W03								X					X
W04								X					
W05								X					X
W06								X					X
U01													X
U02													X
U03													X
U04													X
U05													X

K01								X					X
K02								X					X
K03								X					X

Kryteria oceny	Warunkiem zaliczenia kursu jest otrzymanie pozytywnej oceny z końcowego kolokwium zaliczeniowego (50% punktów)

Uwagi	Kurs prowadzony w języku polskim

Treści merytoryczne (wykaz tematów)

1. Ewolucja kodu genetycznego (pierwotność RNA, specyficzność wiązania tRNA, ewolucja translacji)
2. Źródła zmienności genetycznej i ich przyczyny (mutacje punktowe i chromosomowe, rekombinacja, mutacje genomowe)
3. Teoria neutralna (zegar molekularny, teoria neutralna a teoria doboru, teoria niepełnej neutralności)
4. Ewolucja sekwencji DNA (dystans genetyczny, modele substytucji, tempo ewolucji sekwencji, sekwencje konserwatywne)
5. Metody testowania wpływu doboru na ewolucję sekwencji (metoda Nei-Gojobori, test McDonalda-Kreitmana, metoda Tajima D)
6. Ewolucja genów (powstawanie i funkcjonalizacja genów, model DDC, paralogi i ortologi, konwersja genów, pseudogeny, horyzontalny transfer genów, rodziny wielogenowe)
7. Ruchome elementy genetyczne (transpozony prokariotyczne i eukariotyczne, retroelementy, skutki transpozycji i retrotranspozycji)
8. Ewolucja regionów niekodujących (introny, regiony międzygenowe, ewolucja zespołowa, sekwencje powtarzalne)
9. Ewolucja genomów wirusowych i prokariotycznych (wirusy RNA i DNA, wielkość genomu, horyzontalny transfer genów, genom i pangenom bakteryjny)
10. Ewolucja genomów organelli (mechanizmy redukcji genomu, ewolucja genów podczas endosymbiozy, konwergencja ewolucji plastydów i mitochondriów)
11. Ewolucja genomów eukariotycznych (paradoks wielkości C, konserwatywność syntenii, frakcjonowanie genów, geny regulatorowe Hox i ParaHox, hipoteza Ohno)
12. Ewolucja organizmów z perspektywy molekularnej (mutacje chromosomowe jako motor specjacji, strategie ewolucji wielkości genomu, wpływ hybrydyzacji i poliploidyzacji na ewolucję)

Wykaz literatury podstawowej

Futuyma D.J. Ewolucja. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego. 2008
Avise J.C. Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego. 2008
Higgs P.G., Attwood T.K. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. 2008

Wykaz literatury uzupełniającej

Brown T.A. Genomy. Wydawnictwo Naukowe PWN. 2009
Pontarotti P. Evolutionary Biology – Concepts, Molecular and Morphological Evolution. Springer-Verlag Berlin Heidelberg. 2010
Page, R.D.M., Holmes, E.C. Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach. Blackwell Publishing Ltd. 1998.
Bandelt H-J., Macaulay V., Richards M. Human Mitochondrial DNA and the Evolution of Homo sapiens. Springer Berlin Heidelberg New York. 2006
Migdałek, G., Nowak, J., Saługa, M., Cieślak, E., Szczepaniak, M., Ronikier, M., … Kuta, E. (2017). No evidence of contemporary interploidy gene flow between the closely related European woodland violets *Viola reichenbachiana* and *V. riviniana* (sect. Viola , Violaceae). Plant Biology, 1–10.
Kuta, E., Jedrzejczyk-Korycińska, M., Cieślak, E., Rostański, A., Szczepaniak, M., Migdałek, G., … Słomka, A. (2014). Morphological versus genetic diversity of *Viola reichenbachiana* and *V. riviniana* (sect. Viola, Violaceae) from soils differing in heavy metal content. Plant Biology, 16(5), 924–934.

Bilans godzinowy zgodny z CNPS (Całkowity Nakład Pracy Studenta)

liczba godzin w kontakcie z prowadzącymi	Wykład	20
	Konwersatorium (ćwiczenia, laboratorium itd.)	0
	Pozostałe godziny kontaktu studenta z prowadzącym	2
liczba godzin pracy studenta bez kontaktu z prowadzącymi	Lektura w ramach przygotowania do zajęć	2
	Przygotowanie krótkiej pracy pisemnej lub referatu po zapoznaniu się z niezbędną literaturą przedmiotu	0
	Przygotowanie projektu lub prezentacji na podany temat (praca w grupie)	0
	Przygotowanie do egzaminu/zaliczenia	6
Ogółem bilans czasu pracy		30
Liczba punktów ECTS w zależności od przyjętego przelicznika		1