KARTA KURSU (realizowanego w module specjalności)

Biologia laboratoryjna

(nazwa specjalności)

Nazwa	Ewolucja molekularna
Nazwa w j. ang.	Molecular evolution

Koordynator	Dr Grzegorz Migdałek	Zespół dydaktyczny
Punktacja ECTS*	5	

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.

Efekty uczenia się

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów dla specjalności (określonych w karcie programu studiów dla modułu specjalnościowego)
Wiedza	W01. Potrafi wskazać źródła zmienności genetycznej organizmów	. W01, W03, W08
	W02. Rozumie procesy leżące u podstaw dynamiki genów w populacjach w szczególności modele doboru, proces dryfu genetycznego i modele przepływu genów	W06
	W03. Zna podstawowe założenia teorii neutralnej oraz jej obecny status	W06
	W04. Zna przyczyny zmienności sekwencji DNA i różnego tempa ewolucji sekwencji	W08
	W05. Rozumie procesy leżące u podstaw ewolucji genów i regionów niekodujących, w szczególności model DDC, horyzontalny transfer genów i ewolucję zespołową.	W08
	W06. Rozumie różnice w ewolucji genomu prokariotycznego, eukariotycznego i genomów organelli	W01, W08

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

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów dla specjalności (określonych w karcie programu studiów dla modułu specjalnościowego)
Kompetencje społeczne	K01 Rozumie konieczność uzupełniania wiedzy w oparciu o aktualne dane	K02, K03
	K02 W interpretacji zjawisk korzysta z podstaw empirycznych oraz metod statystycznych i narzędzi informatycznych	K03
	K03 Ma świadomość swojego własnego spojrzenia na pewne mechanizmy ewolucji	K02

Organizacja							
Forma zajęć	Wykład (W)	Ćwiczenia w grupach					
		A	K	L	S	P	E
Liczba godzin	15			10			

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

Podczas ćwiczeń studenci zapoznają się w praktyce z programami komputerowymi do analizy sekwencji DNA i białek, rekonstrukcji filogenezy oraz badań nad ewolucją markerów molekularnych.

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 zdalny	Kolokwium zaliczeniowe
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	
K02												X	
K03												X	

Kryteria oceny	Warunkiem pozytywnego zaliczenia kursu jest zaliczenie ćwiczeń (końcowy projekt indywidualny) oraz pozytywna ocena z egzaminu pisemnego (50% +1 punktów)

Uwagi	Kurs prowadzony w języku polskim

Treści merytoryczne (wykaz tematów)

Tematyka wykładów:

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. Dynamika genów w populacji (modele doboru, modele przepływu genów, nierównowaga sprzężeń, dryf genetyczny i teoria koalescencji, selektywne wymiatanie)
4. Teoria neutralna (zegar molekularny, teoria neutralna a teoria doboru, teoria niepełnej neutralności)
5. Ewolucja sekwencji DNA (dystans genetyczny, modele substytucji, tempo ewolucji sekwencji, sekwencje konserwatywne)

6. Metody testowania wpływu doboru na ewolucję sekwencji (metoda Nei-Gojobori, test McDonalda-Kreitmana, metoda Tajima D)
7. Ewolucja genów (powstawanie i funkcjonalizacja genów, model DDC, paralogi i ortologi, konwersja genów, pseudogeny, horyzontalny transfer genów, rodziny wielogenowe)
8. Ruchome elementy genetyczne (transpozony prokariotyczne i eukariotyczne, retroelementy, skutki transpozycji i retrotranspozycji)
9. Ewolucja regionów niekodujących (introny, regiony międzygenowe, ewolucja zespołowa, sekwencje powtarzalne)
10. Ewolucja genomów wirusowych i prokariotycznych (wirusy RNA i DNA, wielkość genomu, horyzontalny transfer genów, genom i pangenom bakteryjny)
11. Ewolucja genomów organelli (mechanizmy redukcji genomu, ewolucja genów podczas endosymbiozy, konwergencja ewolucji plastydów i mitochondriów)
12. Ewolucja genomów eukariotycznych (paradoks wielkości C, konserwatywność syntenii, frakcjonowanie genów, geny regulatorowe Hox i ParaHox, hipoteza Ohno)
13. Ewolucja organizmów z perspektywy molekularnej (mutacje chromosomowe jako motor specjacji, strategie ewolucji wielkości genomu, wpływ hybrydyzacji i poliploidyzacji na ewolucję)

Tematyka ćwiczeń:

1. Wprowadzenie do rekonstrukcji filogenezy, typy homologii i homoplazji, argumentacja cech, cechy informatywne i nieinformatywne, ważenie cech, rodzaje drzew filogenetycznych, sposoby graficznej prezentacji
2. Algorytmy przyrównywania sekwencji, przyrównywanie dwóch i wielu sekwencji
3. Konstruowanie drzew filogenetycznych: UPGMA, Neighbor-Joining, Maximum Likelihood, Maksymalna Parsymonia, metoda Bayesa, procedury przeszukiwania zbioru danych (heurystyczna, branch-and-bound, quartet puzzling), drzewa konsensusowe
4. Analiza statystyczna zrekonstruowanego drzewa: sygnał filogenetyczny (splits), podstawowe parametry statystyczne drzew, metody próbkowania (jacknife i bootstrap)
5. Matematyczny zapis drzewa filogenetycznego (format Newick) i graficzne opracowanie drzew filogenetycznych
6. Koncepcja zegara molekularnego w filogenetyce, datowanie drzew filogenetycznych
7. Ewolucja cech na drzewie filogenetycznym, rekonstrukcja stanów ancestralnych
8. Analiza genealogii haplotypów (minimum spanning network, statystyczna parsymonia).

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)

Ilość godzin w kontakcie z prowadzącymi	Wykład	15
	Konwersatorium (ćwiczenia, laboratorium itd.)	10
	Pozostałe godziny kontaktu studenta z prowadzącym	2
Ilość 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	6
Ogółem bilans czasu pracy		35
Ilość punktów ECTS w zależności od przyjętego przelicznika		5