

SYLABUS PRZEDMIOTU NA STUDIACH WYŻSZYCH

1.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku polskim: Genetyka populacji
2.	Język wykładowy: język polski
3.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
4.	Kod przedmiotu/modułu: 29-BT-S2-E3-GP 29-BT-S2-E3-GPc
5.	Rodzaj przedmiotu/modułu: obowiązkowy
6.	Kierunek studiów (specjalność): Biotechnologia (Bioinformatyka)
7.	Poziom studiów: II stopień
8.	Rok studiów: II rok
9.	Semestr: zimowy
10.	Forma zajęć i liczba godzin: wykład, 15 godz. ćwiczenia komputerowe – 15 godz.
11.	Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy osoby prowadzącej zajęcia: dr hab. Dorota Mackiewicz
12.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu/modułu: <ul style="list-style-type: none">• wiedza i umiejętności z zakresu informatyki, genetyki i biologii molekularnej oraz dobra znajomość j. angielskiego
13.	Cele przedmiotu Głównym celem zajęć jest poznanie i zrozumienie: <ul style="list-style-type: none">• różnicowania zmienności genetycznej i mechanizmów do niej prowadzących;• podstawowych praw i modeli wykorzystywanych w genetyce populacji;• różnic w funkcjonowaniu małych i dużych populacji oraz sposobów na utrzymanie ich zmienności;

	<p>oraz nabycie umiejętności:</p> <ul style="list-style-type: none"> rozwiązywania problemów dotyczących zachowań populacji oraz analizy procesów w niej zachodzących; rozwiązywania zadań z zakresu genetyki populacji; wykorzystania podstawowych programów komputerowych do szacowania zmienności genetycznej i opisu populacji oraz oceny danych genetycznych stosowanych do tego opisu. 	
14.	<p>Treści programowe - wykład:</p> <ul style="list-style-type: none"> informacja genetyczna jako punkt wyjścia do analiz w genetyce populacji; zmienność genetyczna i fenotypowa występująca w populacjach; sposoby organizacji zmienności genetycznej; wprowadzenie parametrów do opisu zmienności genetycznej jak frekwencje alleli, średnia heterozygotyczność obserwowana i oczekiwana, równowaga Hardy’ego - Weinberga, wskaźnik inbredu, nierównowaga sprzężeniowa; rola mutacji, dryfu genetycznego, doboru naturalnego oraz kojarzenia wsobnego i migracji w aspekcie zmienności genetycznej; rodzaje markerów genetycznych; molekularna genetyka populacji i bioinformatyczna analiza danych oparta o markery genetyczne; wybrane aspekty ewolucyjnej genetyki ilościowej i genetyki populacji człowieka; modelowanie procesów ewolucyjnych oraz algorytmy wykorzystywane do badań zmienności w populacjach. <p>Treści programowe - ćwiczenia:</p> <ul style="list-style-type: none"> prawo Hardy’ego - Weinberga oraz sposoby ustalania częstości alleli i genotypów w populacjach; wpływ czynników zaburzających równowagę genetyczną; zmienność w populacjach naturalnych; wprowadzenie do wybranych programów wykorzystywanych w genetyce populacji (GenALEx, GenePop, Fstat293; HP-Rare1.1, Structure, Structure Harvester, ClumPP, distructWindows1.1.); wykorzystanie <i>loci</i> mikrosatelitarnych do opisu stanu populacji i porównań populacji między sobą; analiza polimorfizmów pojedynczego nuklotydu (SNP) na przykładzie populacji człowieka. 	
15.	<p>Zakładane efekty kształcenia:</p> <p>Student:</p> <ul style="list-style-type: none"> ma pogłębioną wiedzę o procesach ewolucyjnych, które wprowadzają zmienność genetyczną w 	<p>Symbole odpowiednich kierunkowych efektów kształcenia:</p> <p>K_W03, K_W04</p>

	<p>populacjach;</p> <ul style="list-style-type: none"> • opisuje różnice w ewolucji populacji dużych i małych oraz stosuje metody opisu struktury genetycznej w populacjach; • zna podstawowe pojęcia z genetyki populacji i modele używane w tej dziedzinie; • potrafi obsługiwać wybrane programy do modelowania ewolucji populacji, zna sens stosowanych parametrów w używanych modelach; • zbiera, krytycznie analizuje i interpretuje uzyskane wyniki modelowania; • potrafi zaplanować analizę problemów dotyczących ewolucji i struktury genetycznej populacji oraz dobrać odpowiednie modele do postawionego problemu; • potrafi pracować nad zagadnieniem samodzielnie i w grupie, pracując w grupie potrafi zaplanować poszczególne etapy analizy danych i wywiązać się z powierzonego mu zadania; • rozumie potrzebę i jest chętny do aktualizowania swojej wiedzy ze względu na szybki rozwój poznanej dziedziny wiedzy. 	<p>K_W01, K_W04</p> <p>K_W06</p> <p>K_U01, K_U05</p> <p>K_U03, K_U06</p> <p>K_U03, K_U04</p> <p>K_U11</p> <p>K_K01, K_K05, K_K07</p>
16.	<p>Literatura obowiązkowa:</p> <ul style="list-style-type: none"> • materiały udostępnione przez prowadzącego <p>Literatura zalecana:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Hartl DL., Clark AG., Podstawy genetyki populacyjnej, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego; • Nielsen R., Slatkin M., An Introduction to Population Genetics: Theory and Applications, Sinauer Associates; • Hamilton M., Population Genetics, Wiley-Blackwell; • Relethford JH., Human Population Genetics, John Wiley & Sons; • Futuyma DJ., Ewolucja, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego. 	
17.	<p>Metody weryfikacji zakładanych efektów kształcenia:</p> <ul style="list-style-type: none"> • wykład: egzamin ustny • ćwiczenia komputerowe: zadania praktyczne do wykonania podczas zajęć, kolokwium zaliczeniowe z rozwiązywania zadań 	
18.	<p>Warunki i forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu/modułu:</p> <ul style="list-style-type: none"> • pozytywna ocena z egzaminu • pozytywna ocena pracy podczas zajęć oraz kolokwium 	

	Nakład pracy studenta:	
	forma działań studenta	liczba godzin na realizację działań
	Zajęcia (wg planu studiów) z prowadzącym: <ul style="list-style-type: none"> • wykład • ćwiczenia komputerowe 	15 15
19.	praca własna studenta (w tym udział w pracach grupowych): <ul style="list-style-type: none"> • czytanie wskazanej literatury i materiałów • przygotowanie do zajęć • zadania praktyczne • przygotowanie do zaliczenia • przygotowanie do egzaminu 	30
	łącznie liczba godzin:	60
	Liczba punktów ECTS: <ul style="list-style-type: none"> • wykład • ćwiczenia komputerowe 	1 1