



Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Filogenetyka, PG_00070038						
Kierunek studiów	InfoBioChem						
Data rozpoczęcia studiów	luty 2026 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2026/2027		
Poziom kształcenia	II stopnia		Grupa zajęć		Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów 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		3.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		egzamin		
Jednostka prowadząca	Wydziały Politechniki Gdańskiej -> Wydział Elektroniki, Telekomunikacji i Informatyki -> Katedra Inżynierii Materiałów Funkcjonalnych						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr inż. Milena Marycz				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	30.0	0.0	30.0	0.0	0.0	60
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
	Adresy kursu na platformie eNauczanie: Moodle ID: 9130 Filogenetyka 2026/2027 https://enauczanie.pg.edu.pl/2025/course/view.php?id=9130						
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	60		5.0		10.0	75
Cel przedmiotu	Przedstawienie podstaw filogenetyki molekularnej i obliczeniowej oraz jej zastosowań w analizie danych biologicznych. Zapoznanie studentów z metodami przygotowania danych, rekonstrukcji, oceny i interpretacji drzew filogenetycznych. Rozwijanie umiejętności praktycznego wykorzystania narzędzi bioinformatycznych w analizach filogenetycznych.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[K7_U02] potrafi posługiwać się informatycznymi narzędziami służącymi do operacji na sekwencjach nukleotydowych i białkowych	Potrafi wykorzystywać narzędzia bioinformatyczne do wyszukiwania, porównywania, analizy i przetwarzania sekwencji nukleotydowych i białkowych na potrzeby analiz filogenetycznych.	[SU1] Ocena realizacji zadania [SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi
	[K7_U04] potrafi trafnie dobierać i stosować metody i narzędzia badawcze właściwe dla kierunku studiów w obszarze nauk biologicznych i medycznych oraz chemicznych w tym biologii molekularnej, systemowej, medycznej, biotechnologii i bioinformatyki	Potrafi dobierać i stosować odpowiednie metody i narzędzia bioinformatyczne do analizy sekwencji oraz rekonstrukcji i oceny drzew filogenetycznych.	[SU3] Ocena umiejętności wykorzystania wiedzy uzyskanej w ramach przedmiotu [SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi
	[K7_K04] jest gotów do efektywnej organizacji swojego czasu pracy, w tym rzetelnego dotrzymywania wyznaczonych terminów realizacji określonych zadań	Jest gotów do samodzielnej i efektywnej organizacji pracy oraz terminowej realizacji powierzonych zadań z zakresu analiz filogenetycznych.	[SK3] Ocena umiejętności organizacji pracy
	[K7_W07] zna i rozumie w pogłębionym stopniu budowę i zasady działania komponentów i systemów związanych z kierunkiem studiów, w tym teorie, metody i złożone zależności między nimi oraz wybrane zagadnienia szczegółowe – właściwe dla kierunku studiów InfoBioChem	Zna i rozumie w pogłębionym stopniu podstawy teoretyczne, metody i narzędzia analizy filogenetycznej oraz zasady rekonstrukcji, oceny i interpretacji drzew filogenetycznych na podstawie danych molekularnych.	[SW1] Ocena wiedzy faktograficznej
Treści przedmiotu	<p>Treści przedmiotu - wykład</p> <p>Wprowadzenie do filogenetyki molekularnej i obliczeniowej oraz podstawowych pojęć związanych z ewolucją molekularną. Reprezentacja, struktura i interpretacja drzew filogenetycznych. Rodzaje danych wykorzystywanych w analizach filogenetycznych, homologia oraz metody porównywania i dopasowywania sekwencji. Podstawy modeli ewolucji molekularnej i substytucji oraz wybrane metody rekonstrukcji drzew filogenetycznych. Przestrzeń drzew i podstawowe zagadnienia związane z poszukiwaniem oraz porównywaniem topologii. Metody oceny wiarygodności i niepewności wyników analiz filogenetycznych. Analiza wielu drzew, w tym drzewa konsensusu i superdrzewa. Problemy i ograniczenia analiz filogenetycznych. Wybrane współczesne zastosowania filogenetyki oraz kierunki rozwoju metod obliczeniowych w analizie danych biologicznych.</p> <p>Treści przedmiotu - laboratoria</p> <p>Pozyskiwanie i przygotowanie danych sekwencyjnych do analiz filogenetycznych. Dopasowanie i porównywanie sekwencji. Rekonstrukcja, wizualizacja, ocena i interpretacja drzew filogenetycznych z wykorzystaniem wybranych metod i narzędzi bioinformatycznych. Porównywanie wyników analiz filogenetycznych. Realizacja prostego workflow analizy filogenetycznej – od przygotowania danych do interpretacji wyników.</p>		
Wymagania wstępne i dodatkowe			
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Wykłady - egzamin pisemny	60.0%	50.0%
	Zajęcia laboratoryjne - zaliczenie na podstawie oceny realizacji zadań laboratoryjnych określonych w skryptach do poszczególnych ćwiczeń	60.0%	50.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<ol style="list-style-type: none"> 1. Publikacje naukowe i opracowania przygotowane przez prowadzącego i udostępnione studentom w czasie zajęć. 2. Brown T.A. „Genomy”, wyd. II, przekład pod red. P. Węgleńskiego, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2009. 3. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PG Higgs i TK Atwood, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2008. 4. Bioinformatyka- podręcznik do analizy genów i białek. AD Baxevanis BFF Ouellette Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2004. 	
	Uzupełniająca lista lektur	<ol style="list-style-type: none"> 1. Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. JC Avise Uniwersytet Warszawski, Warszawa, 2008. 2. Łatwe drzewa filogenetyczne. Hall Barry (2008) Warszawa, Wyd. UW. 3. Ekologia molekularna. Joanna R. Freeland (2008) Warszawa PWN. 4. Genomes 3 T.A. Brown , 2007, Garland Science. 	
	Adresy eZasobów		

Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	<ol style="list-style-type: none"> 1. Pozyskiwanie, przygotowanie, dopasowywanie i porównywanie sekwencji biologicznych z wykorzystaniem wybranych baz danych i narzędzi bioinformatycznych. 2. Rekonstrukcja i interpretacja drzew filogenetycznych z wykorzystaniem wybranych metod obliczeniowych. 3. Ocena wiarygodności wyników analiz filogenetycznych oraz porównywanie otrzymanych drzew. 4. Analiza i interpretacja zależności pomiędzy sekwencjami i taksonami na podstawie danych filogenetycznych. 5. Realizacja prostego workflow analizy filogenetycznej – od przygotowania danych sekwencyjnych do interpretacji uzyskanych wyników.
Zajęcia praktyczne w ramach przedmiotu	Nie dotyczy

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.