Informacje podstawowe

Nazwa przedmiotu	Podstawy systematyki i filogenezy
Prowadzący	dr Monika Fajfer-Jakubek
Wydział	Wydział Biologii i Nauk o Środowisku
Kierunek	Biologia
Poziom studiów	I stopnia
Profil studiów	Ogólnoakademicki
Forma studiów	Stacjonarna
Moduł specjalnościowy/ścieżka *(jeśli dotyczy)*	Nie dotyczy
Dyscyplina naukowa, do której odnoszą się efekty uczenia się	Nauki biologiczne
Przedmiot obowiązuje od roku akademickiego	2022/2023
Rok studiów	II/III
Semestr	III-VI
Język wykładowy	Polski
Status przedmiotu	Do wyboru
Odniesienie do kierunkowych efektów uczenia się	Wykład: BI1_W01, BI1_W04 Ćwiczenia: BI1_U03, BI1_U05, BI1_K01
Rodzaj zajęć	Wykład, Ćwiczenia
Liczba godzin	Wykład: 30h Ćwiczenia: 30h
Liczba ECTS	Wykład: 2 Ćwiczenia: 2
Wymagania wstępne	Podstawowa wiedza z zakresu zoologii, botaniki i biologii molekularnej
Opis i cele przedmiotu	Celem wykładu jest zapoznanie studentów z fundamentalnymi zagadnieniami systematyki oraz filogenezy. Omawiane są klasyczne i nowoczesne metody rekonstrukcji drzew filogenetycznych, w tym: metody odległościowe, największej parsymonii, największej wiarygodności oraz analizy bayesowskie. Studenci poznają także różne typy markerów molekularnych oraz zagadnienia takie jak specjacja, rozbieżności między drzewami genowymi i gatunkowymi oraz datowanie czasu rozdziału linii ewolucyjnych. Podczas ćwiczeń komputerowych student pracuje praktycznie z oprogramowaniem do analiz filogenetycznych. Uczy się tworzyć, interpretować i porównywać drzewa filogenetyczne na podstawie danych morfologicznych i sekwencyjnych. Ćwiczenia obejmują pracę w programach MEGA, FigTree,

Prawa autorskie do sylabusa przysługują UKSW. Sylabus może być wykorzystywany jedynie dla celów związanych z kształceniem na studiach odbywających się w UKSW, korzystanie z niego w innych celach wymaga zgody UKSW.

	MrBayes, BEAST, PartitionFinder, Tracer oraz analizę danych w narzędziach online (m.in. ABGD). Zajęcia rozwijają umiejętność doboru modeli ewolucyjnych, interpretacji wyników i przygotowywania raportów.

Treści programowe - wykład

	Temat/blok zajęć:	Liczba godzin
1–2.	W1/2. Wprowadzenie do filogenezy: historia badań, ICZN, podstawowe pojęcia.	4
3.	W3. Klasyfikacja i filogeneza. Przykłady zastosowania badań filogenetycznych.	2
4–5.	W4/5. Mechanizmy i drogi ewolucji. Koncepcja gatunku.	2
6.	W6. Klasyfikacja organizmów na podstawie morfologii i metod molekularnych.	2
7.	W7. Odległościowe metody budowania drzew filogenetycznych.	2
8.	W8. Metody maksymalnej parsymonii i maksymalnej wiarygodności.	2
9.	W9. Wnioskowanie bayesowskie w rekonstrukcji filogenezy.	2
10–11.	W10/11. W10/11. Praca online na interaktywnej platformie WISE Uniwersytetu Berkeley, poświęcona zastosowaniu markerów molekularnych w badaniach filogenetycznych.”	4
12.	W12. Zaawansowane metody molekularne w wyznaczaniu gatunków.	2
13.	W13. Różnice między drzewami genowymi a gatunkowymi.	2
14.	W14. Filogenetyka w biogeografii: datowanie specjacji.	2
15.	W15. Niezgodności filogenetyczne: przyczyny i rozwiązania.	2
	Łącznie godzin:	30

Treści programowe - ćwiczenia

	Temat/blok zajęć: Ć	Liczba godzin
1.	C1. Opis drzewa filogenetycznego i zapis tekstowy.	2
2.	C2. Rysowanie drzew filogenetycznych w programie FigTree.	2
3.	C3/4/5/ Analiza filogenetyczna na podstawie cech morfologicznych. C6. Kolokwium z części 1.	4
4.	C7/8. Ćwiczenia stacjonarne (ćw. 7) połączone z 8. zajęciami online realizowanymi interaktywnie na platformie WISE, skupione na konstruowaniu drzew filogenetycznych na podstawie danych molekularnych.	4
5.	C8. Analiza filogenetyczna na podstawie matrycy kombinowanej.	2
6.	C9. Praca online z wykorzystaniem metody ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery) do automatycznego rozdzielania	2

Prawa autorskie do sylabusa przysługują UKSW. Sylabus może być wykorzystywany jedynie dla celów związanych z kształceniem na studiach odbywających się w UKSW, korzystanie z niego w innych celach wymaga zgody UKSW.

	sekwencji genetycznych na potencjalne gatunki, co wspiera wstępne określenie granic taksonomicznych.	
7.	C10/11. Praca online w grupach: analiza przypadku, praca w programie MEGA. Omówienie wyników prezentowanych drzew filogenetycznych.	4
8.	C11/12. Podział danych i wybór modelu ewolucji – PartitionFinder.	2
9.	C13. Praca z programem MrBayes, Tracer – studia przypadków.	2
10.	C14. Rekonstrukcja drzew i datowanie dywergencji – praca w BEAST, BEAUTi.	2
11.	C15. Wstęp do podstawowych analiz kofilogenetycznych. Kolokwium końcowe.	2
	Łącznie godzin:	30

Opis przedmiotowych efektów uczenia się i sposoby ich weryfikacji

Symbol efektu	**<u>Kierunkowe</u> efekty uczenia się** *(zgodne z programem na BIPUKSW)* ***Absolwent…*** *(zna i rozumie/potrafi/jest gotów)*	**Opis <u>przedmiotowych</u> efektów uczenia się** *Student...* *(wyłącznie czasownikami operacyjnymi - czynności, które da się zweryfikować, mierzalne; w nawiasie należy podać numery tematów zajęć, które realizują dany efekt)* ***Student…***	**Sposoby weryfikacji efektów uczenia się** *(np.: kolokwium pisemne, egzamin ustny, egzamin pisemny, sprawozdanie, prezentacja na zajęciach, raport, projekt indywidualny, grupowy..)*
BI2_W01	Absolwent zna i rozumie wybrane fakty, obiekty i złożone uwarunkowania w biologii, rozumie podstawowe zjawiska i procesy biologiczne.	1. Student wyjaśnia podstawowe pojęcia z zakresu systematyki i filogenezy (W1–W3). 2. Student charakteryzuje markery molekularne wykorzystywane w analizach filogenetycznych (W10–W11). 3. Student opisuje różnice między metodami filogenetycznymi (W7–W9).	Egzamin
BI2_W04	Absolwent zna i rozumie terminologię biologiczną oraz ma znajomość rozwoju biologii i stosowanych w niej metod badawczych.	1. Student *stosuje* właściwą terminologię systematyczną i filogenetyczną podczas pracy z drzewami (W1-15). 2. Student *interpretuje* wyniki analiz uzyskanych różnymi metodami (W1-15)	Egzamin

Prawa autorskie do sylabusa przysługują UKSW. Sylabus może być wykorzystywany jedynie dla celów związanych z kształceniem na studiach odbywających się w UKSW, korzystanie z niego w innych celach wymaga zgody UKSW.

BI2_U03	Absolwent potrafi właściwie dobrać źródła i informacje z nich pochodzące, rozumie literaturę z zakresu biologii w języku polskim; czyta ze zrozumieniem teksty naukowe w języku angielskim.	1. Student *analizuje* dane sekwencyjne z baz publicznych (np. NCBI) (C1–C12). 2. Student *ocenia* poprawność modeli ewolucyjnych (C12).	Kolokwium
BI2_U05	Absolwent potrafi przygotować dobrze udokumentowane opracowanie problemów z zakresu biologii.	1. Student *opracowuje* wyniki analiz filogenetycznych w formie raportu (C1–C15). 2. Student *prezentuje* wyniki pracy zespołowej (C10–C11).	Kolokwium
BI2_K01	Absolwent jest gotów do prawidłowego identyfikowania i rozstrzygania dylematów związanych z wykonywaniem zawodu.	1. Student *współpracuje* w zespole podczas rekonstrukcji drzew (C10).	Ocena pracy w grupie - sprawozdanie

Metody dydaktyczne

(*dostosowane do przedmiotowych efektów uczenia się*)

Wykład:
– wykład problemowy oparty na prezentacji multimedialnej;
– analiza przykładów rekonstrukcji filogenezy;
– wykorzystanie filmów edukacyjnych i animacji;
– odwoływanie się do aktualnych publikacji naukowych;
– krótkie dyskusje kierowane;
– autorskie materiały dydaktyczne do omawianych zagadnień;
– korzystanie z platform e-learningowych i materiałów udostępnionych przez prowadzącego w czasie rzeczywistym (np. Mentimeter, Wise, Socrative)
– rzutnik, tablica multimedialna;

Ćwiczenia komputerowe:
– ćwiczenia praktyczne przy komputerze z użyciem programów specjalistycznych (np. MEGA, PAUP, FigTree, MrBayes, PartitionFinder, Tracer);
– analiza danych sekwencyjnych i morfologicznych;
– projekty zespołowe, praca w parach;
– studia przypadków (case study) z interpretacją drzew;
– praca oparta na kartach pracy z instrukcjami i autorskich tutorialach;
– systematyczne wykonywanie zadań praktycznych;
– praca z bazami danych;
– korzystanie z platform e-learningowych i materiałów udostępnionych przez prowadzącego (np. Mentimeter, Wise, Socrative);

Udział w konsultacjach w języku angielskim dla studentów realizujących kurs w ramach programu Erasmus.

Prawa autorskie do sylabusa przysługują UKSW. Sylabus może być wykorzystywany jedynie dla celów związanych z kształceniem na studiach odbywających się w UKSW, korzystanie z niego w innych celach wymaga zgody UKSW.

Opis nakładu pracy studenta w ECTS

Wykład

Kontakt z prowadzącym	Aktywność	Liczba godzin	Razem liczba godzin / ECTS
bezpośredni	udział w zajęciach	30	32/1,28 ETCS
	udział w zaliczeniach poza zajęciami	2	
	udział w konsultacjach	0	
praca własna	przygotowanie do zajęć *(czytanie, praca pisemna, tłumaczenie, ...)*	0	18/0,72 ECTS
	przygotowanie do zaliczenia *(np. czytanie, prezentacja, projekt, ...)*	18	

Ćwiczenia

Kontakt z prowadzącym	Aktywność	Liczba godzin	Razem liczba godzin / ECTS
bezpośredni	udział w zajęciach	30	30/1,2 ETCS
	udział w zaliczeniach poza zajęciami	0	
	udział w konsultacjach	0	
praca własna	przygotowanie do zajęć *(czytanie, praca pisemna, tłumaczenie, ...)*	0	20/0,8 ECTS
	przygotowanie do zaliczenia *(np. czytanie, prezentacja, projekt, ...)*	20	

Opis nakładu pracy studenta w ECTS w programie Erasmus – wykład (dodatkowo 1 ECTS)

Kontakt z prowadzącym	Aktywność	Liczba godzin	Razem liczba godzin / ECTS
bezpośredni	udział w zajęciach	30	37/1,48 ECTS
	udział w zaliczeniach poza zajęciami	2	
	Udział w konsultacjach w języku angielskim	5	
praca własna	przygotowanie do zajęć *(czytanie, praca pisemna, tłumaczenie, ...)*	8	38/1,52 ECTS
	przygotowanie do zaliczenia *(np. czytanie, prezentacja, projekt, ...)*	10	
	praca własna związana z tłumaczeniem treści zajęć na język ojczysty	20	

Prawa autorskie do sylabusa przysługują UKSW. Sylabus może być wykorzystywany jedynie dla celów związanych z kształceniem na studiach odbywających się w UKSW, korzystanie z niego w innych celach wymaga zgody UKSW.

Opis nakładu pracy studenta w ECTS w programie Erasmus – ćwiczenia (dodatkowo 1 ECTS)

Kontakt z prowadzącym	Aktywność	Liczba godzin	Razem liczba godzin / ECTS
bezpośredni	udział w zajęciach	30	35/1,4 ECTS
	udział w zaliczeniach poza zajęciami	0	
	Udział w konsultacjach w języku angielskim	5	
praca własna	przygotowanie do zajęć *(czytanie, praca pisemna, tłumaczenie, ...)*	10	40/1,6 ECTS
	przygotowanie do zaliczenia *(np. czytanie, prezentacja, projekt, ...)*	10	
	praca własna związana z tłumaczeniem treści zajęć na język ojczysty	20	

Kryteria oceny końcowej

(Opis składowych oceny końcowej zajęć, rozkład procentowy lub punktowy, informacja o dopuszczalnej liczbie nieobecności, inne kryteria)

Kryteria oceny końcowej
Wykład

– egzamin pisemny (test jednokrotnego wyboru, pytania otwarte, zadania dopasuj);
– warunkiem przystąpienia do egzaminu jest zaliczenie ćwiczeń;
– student może uczestniczyć w konsultacjach przed egzaminem.

Punktacja egzaminu:
100–94% – 5
93–88% – 4,5
87–80% – 4
79–70% – 3,5
69–60% – 3
59% i mniej – 2

Ćwiczenia

– kolokwia;
Punktacja kolokwiów:
100–94% – 5
93–88% – 4,5
87–80% – 4
79–70% – 3,5
69–60% – 3
59% i mniej – 2

Prawa autorskie do sylabusa przysługują UKSW. Sylabus może być wykorzystywany jedynie dla celów związanych z kształceniem na studiach odbywających się w UKSW, korzystanie z niego w innych celach wymaga zgody UKSW.

– obowiązkowe wykonanie wszystkich zadań komputerowych;
– obecność na ćwiczeniach obowiązkowa
– ocena pracy zespołowej - sprawozdanie

Punktacja sprawozdania:
100–94% – 5
93–88% – 4,5
87–80% – 4
79–70% – 3,5
69–60% – 3
59% i mniej – 2

Ocena sprawozdania:
- Ocena 5,0: Sprawozdanie zawiera wyczerpującą, krytyczną analizę wyników drzew filogenetycznych - w oparciu o wiedzę teoretyczną oraz poprawnie sformułowane, wnikliwe wnioski.
- Ocena 4,5: Student wykazał się bardzo dobrą umiejętnością interpretacji danych filogenetycznych, rzetelnie opisał przebieg swojego rozumowania i precyzyjnie przedstawił wyniki.
- Ocena 4,0: Sprawozdanie jest przygotowane poprawnie, zawiera wszystkie wymagane analizy oraz logiczne wnioski.
-Ocena 3,5: Sprawozdanie z ćwiczeń jest niemalże kompletne, jednak interpretacja wyników ma charakter głównie opisowy i brakuje w niej głębszego uzasadnienia obserwowanych procesów.
- Ocena 3,0: Sprawozdanie zawiera niezbędne dane i opisy drzew, które mimo uproszczeń lub drobnych błędów w obliczeniach, potwierdzają realizację celu ćwiczenia.

Efekty uczenia się w zakresie wiedzy
Ocena **3,0**
Student przedstawia zagadnienia dotyczące systematyki i filogenezy w sposób bardzo ograniczony, podając jedynie najprostsze definicje i fragmentaryczne informacje odnoszące się do metod rekonstrukcji drzew filogenetycznych. Opisuje różnice pomiędzy wybranymi metodami jedynie na podstawowym poziomie i potrafi wymienić jedynie pojedyncze przykłady markerów molekularnych używanych w analizach. Przedstawia ogólne różnice między drzewami genowymi i gatunkowymi, jednak jego wypowiedzi są niepełne i pozbawione szerszego kontekstu.
Ocena **4,0**
Student poprawnie i spójnie przedstawia treści związane z systematyką oraz filogenezą, wyjaśniając najważniejsze pojęcia oraz omawiając metody rekonstrukcji drzew filogenetycznych, w tym ich główne zalety i ograniczenia. Potrafi opisać zastosowanie markerów molekularnych i wskazać różnice pomiędzy drzewami genowymi i gatunkowymi, podając przy tym odpowiednie przykłady. Przedstawia procesy biologiczne i filogenetyczne na poziomie dobrym, wykazując zrozumienie ich wzajemnych powiązań.
Ocena **5,0**
Student w sposób wyczerpujący i precyzyjny omawia zagadnienia systematyki i filogenezy, wykazując bardzo dobrą znajomość pojęć, zasad i procesów biologicznych związanych z tymi obszarami. Szczegółowo charakteryzuje wszystkie omawiane metody rekonstrukcji

Prawa autorskie do sylabusa przysługują UKSW. Sylabus może być wykorzystywany jedynie dla celów związanych z kształceniem na studiach odbywających się w UKSW, korzystanie z niego w innych celach wymaga zgody UKSW.

drzew filogenetycznych, łącznie z ich ograniczeniami, zaawansowanymi zastosowaniami oraz interpretacją wyników. Sprawnie analizuje różnice pomiędzy drzewami genowymi i gatunkowymi oraz potrafi wskazać liczne przykłady markerów molekularnych. Jego wypowiedzi są pogłębione i poparte zrozumieniem procesów ewolucyjnych.
Brana jest pod uwagę średnia dla efektów przedmiotowych w zakresie wiedzy.

Efekty uczenia się w zakresie umiejętności
Ocena **3,0**
Student wykonuje analizy filogenetyczne jedynie w stopniu podstawowym, często wymagając wskazówek prowadzącego. Potrafi odczytać proste drzewa filogenetyczne i wykonać podstawowe operacje w programach komputerowych takich jak MEGA czy FigTree, jednak jego interpretacja wyników jest niepełna. Dobiera modele ewolucji w sposób ogólny, bez głębszego uzasadnienia, a jego raporty z analiz zawierają braki merytoryczne i są mało precyzyjne.
Ocena **4,0**
Student samodzielnie przeprowadza większość analiz filogenetycznych, korzystając zarówno z danych morfologicznych, jak i sekwencyjnych. Poprawnie tworzy i interpretuje drzewa w programach specjalistycznych oraz potrafi odpowiednio dobrać model ewolucji, uzasadniając swój wybór. Przygotowuje raporty w sposób logiczny i poprawny, wykazując dobrą orientację w stosowanych metodach i wynikach.
Ocena **5,0**
Student bardzo dobrze i w pełni samodzielnie wykonuje analizy filogenetyczne z wykorzystaniem różnych narzędzi komputerowych, w tym programów MEGA, PAUP, MrBayes, PartitionFinder czy Tracer. Potrafi zarówno konstruować, jak i krytycznie interpretować złożone drzewa filogenetyczne, uwzględniając różne zestawy danych. Jego analizy są wszechstronne, oparte na właściwym doborze metod i pełnym zrozumieniu modeli ewolucyjnych. Przygotowane raporty są przejrzyste, precyzyjne i merytorycznie bardzo dopracowane.
Brana jest pod uwagę średnia dla efektów przedmiotowych w zakresie umiejętności.

Efekty uczenia się w zakresie kompetencji społecznych
Ocena **3,0**
Student w ograniczonym stopniu uczestniczy w pracy zespołowej i wykazuje podstawową odpowiedzialność za powierzone zadania. W sytuacjach wymagających interpretacji niejednoznacznych wyników radzi sobie jedynie częściowo i rzadko podejmuje inicjatywę. W jego działaniach widoczna jest ostrożność w podejmowaniu decyzji, a dylematy związane z analizami filogenetycznymi rozwiązuje na poziomie ogólnym.
Ocena **4,0**
Student aktywnie uczestniczy w pracy grupowej, odpowiedzialnie wykonując powierzone mu elementy analizy. Potrafi oceniać wyniki w sposób rzeczowy i konstruktywny, wykazując gotowość do rozwiązywania dylematów interpretacyjnych związanych z filogenezą. Wspiera pracę zespołu, zachowując rzetelność oraz odpowiednie podejście do danych naukowych.
Ocena **5,0**
Student bardzo dobrze współpracuje w zespole, często inicjując działania i wspierając innych członków grupy. W sposób odpowiedzialny i samodzielny podejmuje decyzje dotyczące interpretacji złożonych danych filogenetycznych oraz potrafi rozwiązywać problemy wymagające wieloaspektowej analizy. W jego pracy widoczna jest wysoka kultura naukowa, dbałość o rzetelność oraz umiejętność konstruktywnego argumentowania.

Prawa autorskie do sylabusa przysługują UKSW. Sylabus może być wykorzystywany jedynie dla celów związanych z kształceniem na studiach odbywających się w UKSW, korzystanie z niego w innych celach wymaga zgody UKSW.

Brana jest pod uwagę średnia dla efektów przedmiotowych w zakresie kompetencji społecznych.

Oceny połówkowe:
Ocena **3,5** jest wystawiana w przypadku pełnego zaliczenia efektów uczenia się na poziomie 3,0, jednak z niewystarczającym spełnieniem wymagań na ocenę 4,0. Ocena **4,5** jest wystawiana w przypadku pełnego zaliczenia efektów uczenia się na poziomie 4,0, jednak bez pełnego osiągnięcia wymagań na ocenę 5,0.

Literatura obowiązkowa

1.	Futuyma D.– Ewolucja, PWN (wybrane rozdziały)
2.	Spalik K., Piwczyński M. – Rekonstrukcja filogenezy i wnioskowanie filogenetyczne w badaniach ewolucyjnych, *Kosmos* 58(3–4): 485–498.

Literatura uzupełniająca

1.	Barry G. Hall – Łatwe drzewa filogenetyczne, PWN.
2.	Publikacje naukowe udostępnione przez prowadzącego podczas zajęć.
3.	Monika Fajfer; Maciej Skoracki (2023) Life Stages and Phylogenetic Position of the New Scale-Mite of the Genus Neopterygosoma (Acariformes: Pterygosomatidae) from Robert's Tree Iguana. *Animals* DOI: 10.3390/ani13172809

*** lista rodzajów zajęć**

- ćwiczenia (audytoryjne, translatoryjne, terenowe, warsztatowe, projektowe)
- ćwiczenia laboratoryjne, komputerowe
- lektorat języka obcego nowożytnego/starożytnego
- wykład kierunkowy
- wykład monograficzny lub konwersatorium monograficzne
- seminarium dyplomowe
  (sem. magisterskie, licencjackie lub inżynierskie, na którym student pod kierunkiem opiekuna pracy przygotowuje pracę dyplomową, wykorzystując metody adekwatne do realizowanej tematyki badawczej)
- pracownia dyplomowa (programistyczna, chemiczna, fizyczna, biologiczna, inżynierska)
  (zajęcia laboratoryjne, na których student pod kierunkiem opiekuna pracy przygotowuje pracę dyplomową wykorzystując metody adekwatne do realizowanej tematyki badawczej)

Prawa autorskie do sylabusa przysługują UKSW. Sylabus może być wykorzystywany jedynie dla celów związanych z kształceniem na studiach odbywających się w UKSW, korzystanie z niego w innych celach wymaga zgody UKSW.