UNIWERSYTET PRZYRODNICZY WE WROCŁAWIU

Metody oceny genetycznej zwierząt

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów Bioinformatyka	**Cykl kształcenia** 2022/23
Specjalność -	**Kod przedmiotu** BD000000BBIS.MI1.1260.22
Jednostka organizacyjna Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt	**Języki wykładowe** polski
Poziom studiów studia drugiego stopnia (magister inżynier)	**Obligatoryjność** Obowiązkowy
Forma studiów stacjonarne	**Blok zajęciowy** Przedmioty kierunkowe
Profil studiów ogólnoakademicki	**Dyscypliny** Zootechnika i rybactwo
	Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Tak
	Przedmiot kształtujący umiejętności praktyczne Nie

Nauczyciel akademicki odpowiedzialny za przedmiot	Heliodor Wierzbicki
Pozostali prowadzący	Heliodor Wierzbicki

Okres Semestr 1	**Forma zaliczenia** Egzamin **Forma prowadzenia i godziny zajęć** Wykład: 30 Ćwiczenia laboratoryjne: 30	**Liczba punktów ECTS** 5.0

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Kurs koncentruje się na estymacji parametrów genetycznych, predykcji wartości genetycznej zwierząt i ocenie postępu genetycznego w populacji

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty uczenia się w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy – Student zna i rozumie:			
W1	metody oceny genetycznej osobników oraz modyfikowania struktury genetycznej populacji dziko żyjących i hodowlanych	BI_P7S_WG07	Egzamin pisemny, Zaliczenie pisemne
Umiejętności – Student potrafi:			
U1	oszacować wartość hodowlaną osobników wykorzystując zaawansowane informacje genetyczne	BI_P7S_UW09	Egzamin pisemny, Zaliczenie pisemne, Projekt

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane aktywności	
Wykład	30	
Ćwiczenia laboratoryjne	30	
Przygotowanie do ćwiczeń	30	
Przygotowanie do egzaminu/zaliczenia	20	
Przygotowanie projektu	20	
Konsultacje	2	
Łączny nakład pracy studenta	**Liczba godzin** 132	**ECTS** 5.0
Zajęcia z bezpośrednim udziałem nauczyciela	**Liczba godzin** 62	**ECTS** 2.1
Nakład pracy związany z zajęciami o charakterze praktycznym	**Liczba godzin** 30	**ECTS** 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Formy prowadzenia zajęć
1.	1. Cechy ilościowe. Wartość cechy ilościowej, jej zmienność oraz zasady dziedziczenia. Podział wartości fenotypowej. Współdziałanie genotypu i środowiska. 2 - 4. Parametry genetyczne (odziedziczalnośc, powtarzalność, korelacja genetyczna) i ich estymacja. 5. Ocena wartości hodowlanej. Źródła informacji o wartości hodowlanej ocenianego osobnika. Efektywność różnych źródeł informacji. 6. Ocena wartości hodowlanej – BLUP (1). Rys historyczny, zalety metody BLUP w stosunku do metod wcześniej stosowanych. Macierz spokrewnień. 7. Ocena wartości hodowlanej – BLUP (2). Układ równań modelu mieszanego. 8. Kształtowanie struktury genetycznej populacji zwierząt metodą selekcji z wykorzystaniem markerów genetycznych (MAS – Marker Assisted Selection). 9. Wykorzystanie markerów LD w selekcji zwierząt. 10. Zastosowanie markerowych bloków haplotypowych w selekcji zwierząt. 11. Selekcja genomowa (genomic selection) – nowe narzędzie kształtowania struktury genetycznej populacji zwierząt. 12. Metody analizy genomu stosowane w selekcji genomowej. 13. Czynniki wpływające na dokładność analizy sprzężeń i selekcji genomowej. 14-15. Ocena efektywności pracy hodowlanej - trend genetyczny.	Wykład
2.	1. Estymacja parametrów genetycznych – wprowadzenie do pakietu DFREML. 2. Estymacja parametrów genetycznych – analiza plików wejściowych i wynikowych. 3-4. Predykcja wartości hodowlanej metoda BLUP – obliczenia i analiza wyników. 5-6. Selekcja genomowa – wczytywanie danych genotypowych z plików o różnych formatach, prezentacja oraz graficzne przedstawianie danych. 7. Praca z programem EMLD - analiza sprzężeń z wykorzystaniem pojedynczych markerów genetycznych. Zapisywanie i analizowanie plików wynikowych. Wprowadzenie do obsługi programu GOLD (plikiem wejściowym jest tu plik wynikowy programu EMLD). 8. Praca z programem GOLD – analiza sprzężeń w formie graficznej. Analiza otrzymanych wyników oraz ich zapisywanie. 9-10. Wprowadzenie do obsługi programu PHASE. Analiza przykładowych plików wejściowych i wynikowych. Przygotowanie danych do analizy wykonywanej za pomocą programu PHASE. 11. Praca z programem PHASE - analiza sprzężeń z wykorzystaniem haplotypów. Zapisywanie i analizowanie plików wynikowych. 12-13. Wprowadzanie danych genotypowych do analizy w pakiecie R. Obliczanie nierównowagi sprzężeń z zastosowaniem trzech miar - D, D’, r2. 14-15. Selekcja genomowa i jej dokładność - symulacje w pakiecie R.	Ćwiczenia laboratoryjne

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

Pracownia komputerowa, Wykład, ćwiczenia

Aktywności	Metody zaliczenia	Udział procentowy w ocenie łącznej przedmiotu
Wykład	Egzamin pisemny	50%
Ćwiczenia laboratoryjne	Zaliczenie pisemne, Projekt	50%

Wymagania wstępne

statystyka matematyczna, genetyka populacji, pakiety statystyczne

Literatura

Obowiązkowa

1. Genetyka populacji i metody hodowlane. Żuk i wsp. PWRiL, 2011.
2. Introduction to quantitative genetics. Falconer and Mackay, 4th ed., 1996

Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
BI_P7S_UW09	Absolwent potrafi oszacować wartość hodowlaną osobników wykorzystując zaawansowane informacje genetyczne
BI_P7S_WG07	Absolwent zna i rozumie w pogłębionym stopniu metody oceny genetycznej osobników oraz modyfikowania struktury genetycznej populacji dziko żyjących i hodowlanych