



Genetyka populacji  
Karta opisu przedmiotu

**Informacje podstawowe**

<b>Kierunek studiów</b> bioinformatyka	<b>Cykl kształcenia</b> 2020/21	
<b>Specjalność</b> -	<b>Kod przedmiotu</b> WBiHZBBIS.L10B.0769.20	
<b>Jednostka organizacyjna</b> Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt	<b>Języki wykładowe</b> Polski	
<b>Poziom studiów</b> studia pierwszego stopnia (licencjat)	<b>Obligatoryjność</b> Fakultatywny	
<b>Forma studiów</b> stacjonarne	<b>Blok zajęciowy</b> Przedmioty kierunkowe	
<b>Profil studiów</b> ogólnoakademicki	<b>Dyscypliny</b> Nauki biologiczne	
	<b>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi</b> Tak	
	<b>Przedmiot kształtujący umiejętności praktyczne</b> Nie	
<b>Nauczyciel akademicki odpowiedzialny za przedmiot</b>	Magdalena Zatoń-Dobrowolska	
<b>Pozostali prowadzący</b>	Magdalena Zatoń-Dobrowolska, Anna Mucha	
<b>Okres</b> Semestr 5	<b>Forma zaliczenia</b> Zaliczenie na ocenę	<b>Liczba punktów ECTS</b> 3.0
	<b>Forma prowadzenia i godziny zajęć</b> Wykład: 15 Ćwiczenia laboratoryjne: 30	

**Cele kształcenia dla przedmiotu**

C1	W ramach przedmiotu studenci zapoznają się z zagadnieniami związanymi z genetyką populacji.
C2	Omawiane są zagadnienia równowagi genetycznej populacji, jak również czynniki zaburzające ten stan.
C3	Studenci poznają metody analizy zmian struktury genetycznej populacji.

## Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty uczenia się w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
<b>Wiedzy - Student zna i rozumie:</b>			
W1	czynniki oraz mechanizmy wpływające na genetyczną strukturę populacji	BI_P6S_WG04, BI_P6S_WG05	Zaliczenie pisemne
W2	wskaźniki charakteryzujące populacje pod względem genetycznym	BI_P6S_WG05	Zaliczenie pisemne
W3	rodzaje zmian zachodzących w populacji, ich przyczyny oraz konsekwencje, a także rozumie mechanizmy wpływające na strukturę genetyczną populacji oraz wie w jaki sposób można na nią wpływać poprzez różne czynniki	BI_P6S_WG04, BI_P6S_WG05	Zaliczenie pisemne
<b>Umiejętności - Student potrafi:</b>			
U1	definiować i analizować czynniki oraz mechanizmy determinujące genetyczną strukturę populacji	BI_P6S_UW06, BI_P6S_UW07	Kolokwium, Wykonanie ćwiczeń
U2	scharakteryzować populacje pod względem jednego genu oraz wielu genów	BI_P6S_UW06	Kolokwium, Wykonanie ćwiczeń
U3	określić rodzaje i kierunki zmian zachodzących w populacji oraz potrafi zdefiniować ich przyczyny i przeanalizować konsekwencje, jakie niosą one dla populacji	BI_P6S_UW06, BI_P6S_UW07	Kolokwium, Wykonanie ćwiczeń

## Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane aktywności	
Wykład	15	
Ćwiczenia laboratoryjne	30	
Przygotowanie do zajęć	15	
Przygotowanie do egzaminu/zaliczenia	15	
Konsultacje	2	
<b>Łączny nakład pracy studenta</b>	<b>Liczba godzin</b> 77	<b>ECTS</b> 3.0
<b>Zajęcia z bezpośrednim udziałem nauczyciela</b>	<b>Liczba godzin</b> 47	<b>ECTS</b> 1.8
<b>Nakład pracy związany z zajęciami o charakterze praktycznym</b>	<b>Liczba godzin</b> 30	<b>ECTS</b> 1.0

\* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

## Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Formy prowadzenia zajęć
1.	<p>Deinicja populacji i kojarzenia losowego - Prawo Hardyego-Weinberga</p> <p>Zmiana struktury populacji pod wpływem kojarzenia nielosowego -dziedziczenie pośrednie.</p> <p>Zmiana struktury populacji pod wpływem kojarzenia nielosowego -dziedziczenie dominujące.</p> <p>Czynniki zmieniające frekwencję genu: migracja, mutacja.</p> <p>Czynniki zmieniające frekwencję genu: selekcja, mutacja i selekcja.</p> <p>Kojarzenie krewniacze:struktura populacji przy kojarzeniach krewniaczych, regularne kojarzenia krewniacze.</p> <p>Kojarzenie krewniacze -współczynnik pokrewieństwa i współczynnik inbredu.</p> <p>Teoria małych populacji: wpływ wielkości populacji na jej strukturę, współczynnik inbredu w małej populacji.</p> <p>Teoria małych populacji: populacja idealizowana, efektywna wielkość populacji.</p> <p>Zmiany wartości średniej pod wpływem kojarzeń krewniaczych i niekrewniaczych:depresja inbredowa, heterozja.</p> <p>Wartość cechy ilościowej i jej zmienność:wartość fenotypowa, wartość genotypowa, wartość hodowlana; zmienność cechy ilościowej, podział wariancji fenotypowej na komponenty.</p> <p>Podobieństwo wewnątrzklasowe: wykorzystanie pojęcia korelacji wewnątrzklasowej w opisie struktury populacji, podobieństwo fenotypowe w grupach krewnych.</p> <p>Parametry genetyczne charakteryzujące strukturę populacji:odziedziczalność, korelacje między cechami (fenotypowa, genetyczna, środowiskowa).</p> <p>Zmiana cechy ilościowej pod wpływem selekcji:selekcja naturalna i sztuczna, reakcja skorelowana, trend genetyczny, postęp hodowlany, czynniki wpływające na wielkość postępu hodowlanego(dokładność oceny wartości hodowlanej, intensywność selekcji, zmienność genetyczna populacji, odstęp pokoleń), reakcja skorelowana, postęp z selekcji pośredniej.</p> <p>Dystans genetyczny między populacjami: procesy powodujące rozchodzenie się populacji na przestrzeni czasu, ścieżki oraz mechanizmy rozchodzenia się populacji.</p> <p>Metody określania wielkości dystansu genetycznego oraz tworzenia dendrogramów.</p>	Wykład

2.	<p>Określanie struktury populacji po kolejnych pokoleniach kojarzenia nielosowego – dziedziczenie typu Pisum.</p> <p>Określanie struktury populacji po kolejnych pokoleniach kojarzenia nielosowego – dziedziczenie typu Zea.</p> <p>Określanie struktury populacji po kolejnych pokoleniach kojarzenia nielosowego – dziedziczenie kilku cech, loci wieloalleliczne, przypadek różnej frekwencji alleli w obrębie płci.</p> <p>Obliczanie zmian frekwencji genów i genotypów w wyniku migracji, mutacji.</p> <p>Obliczanie zmian frekwencji genów i genotypów w wyniku selekcji oraz łącznego działania mutacji i selekcji.</p> <p>Metoda współczynnika ścieżki Wrighta. Określanie zależności między zmiennymi – przykłady. Wykorzystanie metody do określania pokrewieństwa.</p> <p>Obliczanie współczynników pokrewieństwa i inbredu na podstawie rodowodów.</p> <p>Określanie efektywnej wielkości populacji i tempa wzrostu inbredu.</p> <p>Metody szacowania parametrów genetycznych - odziedziczalności, korelacji genetycznych: regresja wewnątrzklasowa, korelacja wewnątrzklasowa. Określanie dokładności statystycznej estymatorów.</p> <p>Szacowanie wartości genetycznej z wykorzystaniem różnych modeli.</p> <p>Współczynniki charakteryzujące loci. Obliczanie współczynników Het, PIC opisujących informatyczność poszczególnych loci. Szacowanie dystansu genetycznego pomiędzy populacjami w oparciu o dane otrzymane dla różnego typu markerów. Wykreślanie drzew filogenetycznych. Sprzężenie genów.</p>	Ćwiczenia laboratoryjne
----	-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	-------------------------

## Informacje rozszerzone

### Metody nauczania:

Wykład, Ćwiczenia

Aktywności	Metody zaliczenia	Udział procentowy w ocenie łącznej przedmiotu
Wykład	Zaliczenie pisemne	50%
Ćwiczenia laboratoryjne	Kolokwium, Wykonanie ćwiczeń	50%

## Wymagania wstępne

Biologia, genetyka

## Literatura

### Obowiązkowa

1. ŻUK B.: Metody genetyki populacji w hodowli zwierząt. PWRiL Warszawa 1973
2. ŻUK B., WIERZBICKI H., ZATOŃ-DOBROWOLSKA M., KULISIEWICZ Z.: Genetyka populacji i metody hodowlane. PWRiL, Warszawa 2011
3. HARTL D.L., CLARK A.G.: Podstawy genetyki populacyjnej. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2009

### Dodatkowa

1. FALCONER D.S., MACKAY F.C. 1997: Introduction to quantitative genetics. Longman, Harlow 1997
2. HALLIBURTON R.: Introduction to population genetics. Pearson, Prentice Hall, New York 2004

## Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
BI_P6S_UW06	Absolwent potrafi stosować metody informatyczne do opisu i interpretacji wyników uzyskanych w analizie danych biologicznych i hodowlanych
BI_P6S_UW07	Absolwent potrafi przeprowadzać obserwacje oraz wykonywać w terenie lub laboratorium pomiary biologiczne służące rozwiązaniu problemów biologicznych i zootechnicznych oraz wykorzystywać publicznie dostępne bazy danych
BI_P6S_WG04	Absolwent zna i rozumie mechanizmy ewolucji
BI_P6S_WG05	Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym zagadnienia z zakresu praw genetyki klasycznej, molekularnej, populacyjnej oraz cytogenetyki