KARTA KURSU

Nazwa	Genetyka populacji
Nazwa w j. ang.	Population Genetics

Koordynator	dr Katarzyna Gawrońska	Zespół dydaktyczny
		Dr Katarzyna Gawrońska, Dr hab. Gabriela Gołębiowska
Punktacja ECTS*	3	

Opis kursu (cele kształcenia)

Zostanie przedstawiona historia i zakres genetyki populacji.Równowaga Hardy'ego-Weinberga, synteza genetyki mendlowskiej i darwinizmu. Kolejnozostaną omówione mechanizmy zmiany częstości alleli: mutacje, migracje, dryf genetyczny.
Szczególna uwaga zostanie poświęcona doborowi naturalnemu i sztucznemu, presji selekcyjnej w zależności od mechanizmów dziedziczenia, dominacji, naddominacji. Sposoby poprawy genetycznej struktury populacji w hodowli oraz zagadnienia eugeniki. Równoważenie się mutacji i selekcji, selekcji i migracji. Skutki chowu wsobnego. Na ćwiczeniach studenci poznają sposoby matematycznej symulacji kierunków ewolucji danej populacji oraz poszukiwania rejonów genomu związanych z cechami ilościowymi w oparciu o dane doświadczalne.

Warunki wstępne

Wiedza	Genetyka ogólna i molekularna. Znajomość podstawowych mechanizmów rozmnażania roślin i zwierząt.
Umiejętności	Znajomość matematyki na poziomie średnim. Znajomość statystyki na poziomie średnim.
Kursy	Matematyka, Wprowadzenie do statystyki, Podstawy genetyki.

Efekty uczenia się

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Wiedza	W01 Objaśnia mechanizmy selekcji naturalnej pod wpływem czynników środowiska.	K_W01
	W02 Ma wiedzę statystyczną i matematyczną do modelowania zmian populacji.	K_W02, K_W13
	W03 Wyjaśnia jak ekstremalne zjawiska przyrodnicze wpływają na zmiany puli genetycznej populacji.	K_W01,
	W04 Rozumie znaczenie równowagi biologicznej oraz presji selekcyjnej.	K_W01, K_W18
	W05 Rozumie mechanizmy ewolucji z punktu widzenia funkcjonowania genomu i jego interakcji ze środowiskiem.	K_W01
	W06 Potrafi na podstawie wyników fenotypowania wyznaczyć rejony genomu związane z badaną cechą ilościową.	K_W13, K_W18

	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych
Umiejętności	U01 Stosuje analizę statystyczną do opracowania wyników doświadczeń z zakresu genetyki populacyjnej.	K_U06
	U02 Wykonuje samodzielnie oraz z zespole proste zadania badawcze z zakresu genetyki populacyjnej.	K_U03
	U03 Planuje i przeprowadza eksperymenty z zakresu genetyki populacyjnej, wykonuje doświadczenia i interpretuje ich wyniki.	K_U03, K_U06,
	U04 Potrafi przeanalizować historię życia na Ziemi na bazie hipotez genetyki populacyjnej.	K_U01
	U05 Stosuje analizę statystyczną do opracowania wyników doświadczeń fenotypowania cech ilościowych	K_U03, K_U06, K_U07

Kompetencje społeczne	Efekt uczenia się dla kursu	Odniesienie do efektów kierunkowych

	K01 Jest świadomy zmian zachodzących w populacjach organizmów występujących w środowisku. K02 Jest otwarty na tworzenie i przekazywanie informacji o stanie populacji naturalnych i o ewentualnych zagrożeniach dla tych populacji. K03 Ma świadomość odpowiedzialności za zespołowo realizowane zadania w zakresie genetyki populacji. K04 Krytycznie podchodzi do informacji upowszechnianych w mediach z zakresu genetyki populacji. K05 Jest świadomy odpowiedzialności za zasoby Ziemi w zakresie populacji żyjących na niej organizmów.	K_K07 K_K01 K_K05 K_K04 K_K07

Organizacja													
Forma zajęć	Wykład (W)	Ćwiczenia w grupach											
		A		K		L		S		P		E	
Liczba godzin	15					25							
Forma zaliczenia						Zo							

Opis metod prowadzenia zajęć

1. Wykład z dyskusją. Wykłady prowadzone w formie zdalnej.
2. Zajęcia laboratoryjne oparte będą na rozwiązywaniu zadań, prowadzeniu symulacji zmian częstości alleli i genotypów, planowaniu i przeprowadzeniu prostych doświadczeń z zakresu genetyki populacyjnej. Ćwiczenia prowadzone w formie hybrydowej.

Formy sprawdzania efektów uczenia się

	E – learning	Gry dydaktyczne	Ćwiczenia w szkole	Zajęcia terenowe	Praca laboratoryjna	Projekt indywidualny	Projekt grupowy	Udział w dyskusji	Referat	Praca pisemna (esej)	Egzamin ustny	Egzamin pisemny	Inne
W01								X					
W02								X					X
W03								X					X
W04								X					X
W05								X					

W06					X			X					X
U01					X								
U02					X								
U03					X			X					X
U04								X					X
U05					X			X					X
K01								X					
K02								X					
K03								X					
K04								X					
K05								X					

Kryteria oceny	Ćwiczenia: aktywność na zajęciach, jakość udzielanych odpowiedzi ustnych i pisemnych oraz współpracy w zespole. Kolokwium zaliczeniowe. Zaliczenie z oceną. Wykład: obecność i udział w dyskusji

Uwagi	

Treści merytoryczne (wykaz tematów)

Treści merytoryczne wykład:
Historia i zakres genetyki populacji.
Podstawowe pojęcia.
Równowaga Hardy'ego-Weinberga, jako synteza genetyki mendlowskiej i darwinizmu.
Naturalne mechanizmy zmiany częstości alleli w populacjach zamkniętych i otwartych.
Wpływ mutacji, migracji, dryfu genetycznego na zmiany częstości alleli:
Presja selekcyjna w zależności od sposobu dziedziczenia cech.
Dobówi naturalny i sztuczny.
Sposoby poprawy genetycznej struktury populacji w hodowli oraz zagadnienia eugeniki.
Równoważenie się mutacji i selekcji, selekcji i migracji.
Skutki chowu wsobnego w środowiskach naturalnych i w hodowli.
Perspektywy rozwoju populacji człowieka na ziemi.

Treści merytoryczne ćwiczenia:
1.(4h) Założenia teoretyczne równowagi Hardy'ego-Weinberga. Prawdopodobieństwo wystąpienia zjawisk niezależnych oraz wykluczających się. Jak obliczyć częstości alleli w populacji. Jak obliczyć stan równowagi Hardy'ego-Weinberga dla populacji. Praktyczne ćwiczenie z obliczania częstości alleli i genotypów oraz stanu równowagi (w przypadku pełnej dominacji).

2.(4h) Praktyczne ćwiczenia z obliczania częstości alleli i genotypów oraz stanu równowagi (w przypadku niepełnej dominacji i kodominacji). Szacowanie wielkości odchylenia od równowagi Hardy'ego-Weinberga – test zgodności $\chi 2$. Zależność częstości genotypów od częstości alleli. Częstość nosicieli.

3.(4h) Praktyczne ćwiczenia z obliczania częstości alleli i genotypów w przypadku cech sprzężonych z płcią, alleli wielokrotnych, przy znanej częstości mutacji oraz gdy rozpatrujemy więcej niż jeden gen.

4.(4h) Praktyczne ćwiczenie z obliczania zmienności częstości alleli w czasie. Dryf genetyczny. Wielkość populacji a zjawisko dryfu. Symulacje zmiany częstości alleli przy działaniu dryfu. Stan utrwalenia. Obliczanie prawdopodobieństwa utrwalenia jednego z alleli. Efektywna wielkość populacji.

5.(4h) Chów wsobny. Współczynnik wsobności oraz współczynnik pokrewieństwa. Obliczanie współczynnika wsobności na podstawie rodowodów.

6. (4h) Rejony QTL jako obszary genomu związane z cechą ilościową. Identyfikacja rejonów QTL za pomocą programu WinQTL Cart jako proces matematyczno-statystyczny. Identyfikacja rejonów QTL a określenie lokalizacji genu cechy ilościowej – rachunek prawdopodobieństwa. Poszukiwanie związku pomiędzy markerami molekularnymi a fenotypem, lokalizacja rejonów genomu związanych z analizowaną cechą. Analiza pojedynczego markera SMA w celu potwierdzenia istotności sprzężenia markera z badaną cechą z wykorzystaniem metod statystycznych (test F Fishera, ANOVA). Złożone mapowanie interwałowe CIM przy zastosowaniu testu permutacji w celu zminimalizowania błędów SMA.

7. (1h) Kolokwium zaliczeniowe.

Wykaz literatury podstawowej

Hartl Daniel L., Clark Andrew G. Podstawy Genetyki Populacyjnej. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, 2010, s. 602
Krzanowska H., Łomnicki A., Rafiński J., Szarski H, Szymura J. M. Zarys mechanizmów ewolucji. Wydawnictwo Naukowe PWN s. 416

Wykaz literatury uzupełniającej

Futuyma D. Ewolucja. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, 2008 s 622
Avise J. C. Markery molekularne historia naturalna i ewolucja. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego. 2008, s. 664
Freeland J. R. Ekologia molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. 2008 s. 358

Wajdzik, K., Gołębiowska, G., Dyda, M., Gawrońska, K., Rapacz, M., & Wędzony, M. (2019). The QTL Mapping of the important breeding traits in winter triticale (× Triticosecale Wittm.). Cereal Research Communications, 47(3), 395-408.
Krzewska, M., Czyczyło-Mysza, I., Dubas, E., Gołębiowska-Pikania, G., & Żur, I. (2015). Identification of QTLs associated with albino plant formation and some new facts concerning green versus albino ratio determinants in triticale (× Triticosecale Wittm.) anther culture. Euphytica, 206(1), 263-278.
Szechyńska-Hebda, M., Wędzony, M., Tyrka, M., Gołębiowska, G., Chrupek, M., Czyczyło-Mysza, I., ... & Golemiec, E. (2011). Identifying QTLs for cold-induced resistance to Microdochium nivale in winter triticale. Plant Genetic Resources, 9(2), 296-299.

Bilans godzinowy zgodny z CNPS (Całkowity Nakład Pracy Studenta)

liczba godzin w kontakcie z prowadzącymi	Wykład	15
	Konwersatorium (ćwiczenia, laboratorium itd.)	25
	Pozostałe godziny kontaktu studenta z prowadzącym	5
liczba godzin pracy studenta bez kontaktu z prowadzącymi	Lektura w ramach przygotowania do zajęć	10
	Przygotowanie krótkiej pracy pisemnej lub referatu po zapoznaniu się z niezbędną literaturą przedmiotu	
	Przygotowanie projektu lub prezentacji na podany temat (praca w grupie)	
	Przygotowanie do egzaminu/zaliczenia	20
Ogółem bilans czasu pracy		75
Liczba punktów ECTS w zależności od przyjętego przelicznika		3