

KARTA PRZEDMIOTU (SYLABUS)¹
OPIS PRZEDMIOTU

Kod przedmiotu		Nazwa przedmiotu	Migracje populacji ludzkich	
0912/URad/WNMinOZ/ST-NST/J2-05			Migration of human populations	
Język wykładowy		Polski		
Rok akademicki		2023/2024		
Kierunek w zakresie		Lekarski		
Poziom studiów		Studia jednolite magisterskie		
Profil studiów		Ogólnoakademicki		
Forma studiów		Stacjonarne/Niestacjonarne		
Semestr/ semestry		VI letni		
Przynależność do grupy zajęć		Moduł J: Oferta uczelni J2: Przedmioty podstawowe i przedkliniczne		
Status przedmiotu		Do wyboru		
Formy realizacji zajęć dydaktycznych, wymiar, punkty ECTS		Forma zajęć	Liczba godzin zajęć dydaktycznych	Liczba punktów ECTS
		Ćwiczenia	10 h	2 ECTS
		Seminarium	20 h	
Powiązanie przedmiotu	z profilem studiów ²	Przedmiot związany z prowadzoną w Uczelni działalnością naukową i uwzględnia udział studentów w zajęciach przygotowujących do prowadzenia działalności naukowej lub udział w tej działalności.		2 ECTS
	z dyscypliną ³	Nauki biologiczne		2 ECTS
Forma nauczania ⁴		Tradycyjna: zajęcia w siedzibie Uczelni		
Wymagania wstępne		Realizacja efektów kształcenia w zakresie wiedzy, umiejętności, kompetencji społecznych z poprzednich semestrów studiów		
Jednostka prowadząca		Wydział Nauk Medycznych i Nauk o Zdrowiu		
Koordynator		Prof. zw. dr hab. n. biol. Roman Zieliński		
Adres strony internetowej pjo		https://wnminoz.uniwersytetradom.pl/		
Adres e-mail koordynatora		r.zielinski@uthrad.pl mail dla studentów: prof.romanzielinski@gmail.com		

**EFEKTY UCZENIA SIĘ, TREŚCI PROGRAMOWE, REALIZACJA ZAJĘĆ DYDAKTYCZNYCH, WERYFIKACJA
EFEKTÓW UCZENIA SIĘ**

Cel kształcenia:	<ol style="list-style-type: none"> 1. Zrozumienie zróżnicowania współczesnych populacji ludzkich w aspekcie ewolucyjnym. 2. Poznanie pochodzenia populacji europejskich, ze szczególnym uwzględnieniem ludów indoeuropejskich. 3. Zrozumienie wpływu historii migracji na rozprzestrzenianie chorób.
Treści programowe: Ćwiczenia	<p>Ćwiczenia: 10 h prowadzonych jako 5 spotkań po 2 h.</p> <p>Celem ćwiczeń jest analiza parametrów genetycznych opisujących zróżnicowanie populacji ludzkich oraz konstrukcja drzew filogenetycznych dla wybranych populacji z wykorzystaniem analiz DNA.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Analiza wybranych markerów i sekwencji DNA w populacjach europejskich <i>Homo sapiens</i>. Odczyt danych z analizy enzymatycznej, grup krwi, liczby miejsc insercji transpozonów oraz sekwencjonowania genomowego i mitochondrialnego DNA. BN 2. Struktura genetyczna wybranych populacji europejskich: liczba alleli w locus, efektywna liczba alleli w locus, częstość alleli, allele specyficzne dla populacji. Charakterystyka struktury genetycznej populacji polskiej. BN 3. Zróżnicowanie genetyczne populacji europejskich: ocena heterozygotyczności oczekiwanej w locus (<i>h</i>) oraz średniej heterozygotyczności oczekiwanej (<i>Hs</i>), ocena zmienności wewnątrzpopulacyjnej i międzypopulacyjnej, współczynnik <i>F</i>. BN 4. Analiza migracji neolitycznych na podstawie danych SNP. BN 5. Ocena podobieństwa genetycznego pomiędzy populacjami europejskimi na podstawie częstości alleli (współczynnik <i>Nei'a</i>) oraz dystansu ewolucyjnego (na podstawie sekwencji). Konstrukcja drzew filogenetycznych w oparciu o różne metody oraz wnioskowanie filogenetyczne. BN <p><i>*BN: tematyka związana z działalnością naukową</i></p>
Treści programowe: Seminarium	<p>Seminarium: 20 h prowadzonych jako 10 spotkań po 2 h.</p> <p>Celem seminariów jest analiza pochodzenia oraz rozprzestrzeniania się populacji europejskich na podstawie danych uzyskanych na ćwiczeniach oraz danych literaturowych.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Czy koncepcja gatunku biologicznego może być zastosowana do <i>Homo sapiens</i>? Poszukiwanie markerów specyficznych gatunkowo. BN 2. Jakie procesy przyczyniły się do ewolucji człowieka: dryf genetyczny czy selekcja? Poszukiwanie śladów selekcji w genomie populacji ludzkich. BN 3. Wpływ środowiska na różnicowanie populacji ludzkich. Tolerancja laktozy przez dorosłe osobniki w populacjach europejskich. Identyfikacja mutacji w genach warunkujących tolerancję laktozy. 4. Genetyczny obraz Europy: porównanie struktury genetycznej współczesnych populacji europejskich na podstawie analiz DNA. BN 5. O czym świadczy zróżnicowanie genetyczne populacji polskiej? Korelacja między danymi genetycznymi a danymi historycznymi i językowymi. BN 6. Europa paleolityczna: analiza danych DNA. 7. W poszukiwaniu naszych przodków – skąd pochodzą Słowianie? Identyfikacja haplotypów słowiańskich i indoeuropejskich. BN 8. „Polak i Węgier – dwa bratanki” – czy słynne powiedzenie znajduje odzwierciedlenie w danych genetycznych? BN 9. Znaczenie współczesnych migracji <i>Homo sapiens</i> w różnicowaniu się populacji europejskiej i polskiej BN. 10. Tworzenie genealogii na podstawie danych DNA. <p><i>*BN: tematyka związana z działalnością naukową</i></p>

Metody dydaktyczne: ⁶	<p>1. Ćwiczenia</p> <ul style="list-style-type: none"> • Ćwiczenia eksperymentalne, w tym analiza danych DNA, ocena parametrów genetycznych oraz konstrukcja drzew filogenetycznych. • Planowanie doświadczeń z zakresu genetyki populacyjnej. • Porównanie otrzymanych danych z danymi publikacyjnymi i wyciąganie wniosków. <p>2. Seminarium</p> <ul style="list-style-type: none"> • Prezentacji – przygotowanie przez studentów 15-minutowych prezentacji wprowadzających w temat seminarium. Prezentacje przygotowywane są grupowo i powinny zawierać tezy do dyskusji. • Metoda okrągłego stołu: swobodna wymiana poglądów między studentami a prowadzącym, przedstawienie różnych danych, ocena wiarygodności danych. • Metoda doświadczeń: postawienie hipotez dotyczących populacji ludzkich, weryfikacja na podstawie danych ćwiczeniowych oraz literaturowych, wyciągnięcie wniosków. • Symulacja procesów populacyjnych z wykorzystaniem programów populacyjnych oraz ewolucji in silico. <p>3. Praca samodzielna</p> <ul style="list-style-type: none"> • Przygotowanie referatów wprowadzających do seminariów. • Zebranie literatury do analiz w trakcie seminariów.
Rygor zaliczenia, kryteria oceny osiągniętych efektów uczenia się:	<p>Warunkiem zaliczenia przedmiotu jest osiągnięcie wszystkich wymaganych dla przedmiotu efektów uczenia się. Uzyskanie pozytywnych ocen ze wszystkich form zajęć wchodzących w skład przedmiotu jest równoznaczne z jego zaliczeniem i zdobyciem przez studenta przyporządkowanej przedmiotowi liczby punktów ECTS.</p> <p>1. Ćwiczenia</p> <p>W celu uzyskania oceny pozytywnej z ćwiczeń należy:</p> <ul style="list-style-type: none"> • być obecnym na wszystkich ćwiczeniach (waga 20%); • uczestniczyć w wykonywaniu eksperymentów i przedstawić prowadzącemu protokół analiz (waga 40%); • przedstawić obliczenia parametrów genetycznych dla pozyskanych danych z analiz DNA (waga 40%). <p>2. Seminarium</p> <p>W celu zaliczenia seminarium należy:</p> <ul style="list-style-type: none"> • być obecnym na wszystkich seminariach (waga 10%) • przygotować referat (waga 50%) wprowadzający zawierający <ul style="list-style-type: none"> ✓ wstęp, ✓ przegląd literatury, ✓ tezy do dyskusji, ✓ spis literatury; • wykonać analizy in silico (waga 20%) • uczestniczyć w dyskusji (waga 20%). <p>3. Przedmiot kończy się zaliczeniem na ocenę</p>
Sposób obliczania oceny końcowej:	<p>Sposób obliczenia oceny końcowej (dokładnej) z przedmiotu uwzględniający wszystkie jego formy określony został w Regulaminie studiów (§37-40). Ocena dokładna obliczana jest automatycznie w systemie Wirtualnej Uczelni na podstawie ocen uzyskanych z poszczególnych form przedmiotu. Skala ocen dla poszczególnych form zajęć uwzględnianych w obliczeniu oceny dokładnej</p> <p>1. Ćwiczenia</p> <p>Ocena jest obliczana jako suma wynikająca z wag dla poszczególnych aktywności.</p> <ul style="list-style-type: none"> • 3,0 (dostateczny) – 2,50-3,48 • 3,5 (dostateczny plus) – 3,49-3,98 • 4,0 (dobry) – 3,99-4,48 • 4,5 (dobry plus) – 4,49-4,75 • 5,0 (bardzo dobry) – 4,76-5,0 <p>2. Seminarium</p> <p>Ocena jest obliczana jako suma wynikająca z wag dla poszczególnych aktywności.</p> <ul style="list-style-type: none"> • 3,0 (dostateczny) – 2,50-3,48 • 3,5 (dostateczny plus) – 3,49-3,98 • 4,0 (dobry) – 3,99-4,48 • 4,5 (dobry plus) – 4,49-4,75 • 5,0 (bardzo dobry) – 4,76-5,0

Efekty uczenia się dla przedmiotu w odniesieniu do efektów kierunkowych i formy zajęć ⁷				Metody weryfikacji efektów uczenia się	
Numer efektu uczenia się	Opis efektów uczenia się dla przedmiotu (PEU) Student, który zaliczył przedmiot (W) zna i rozumie/ (U) potrafi /(K) jest gotów do:	Kierunkowy efekt uczenia się (KEU) i stopień osiągnięcia	Forma zajęć	Forma weryfikacji (zaliczeń)	Metody sprawdzania i oceny
W1	<i>Zna podstawowe parametry opisujące strukturę genetyczną populacji oraz metody analizy DNA wykorzystywane na cele genetyki populacyjnej.</i>	<i>B.W27 +++ C.W8 +++</i>	<i>Ćwiczenia 1-3 Seminarium 1-4</i>	<i>Zaliczenie</i>	<i>Protokół ćwiczeń, referat.</i>
U1	<i>Przeprowadza analizę struktury i zróżnicowania genetycznego populacji, określa podobieństwo genetyczne.</i>	<i>B.U8 + B.U11 ++ B.U13 ++</i>	<i>Ćwiczenia 1-5 Seminarium 1-10</i>	<i>Zaliczenie</i>	<i>Wykonanie obliczeń, odczyt danych genetycznych.</i>
U2	<i>Odtwarza historię migracji ludów europejskich na podstawie haplotypów, identyfikuje sekwencje specyficzne dla danych populacji, potrafi zrewidować pochodzenie populacji na podstawie analiz DNA.</i>			<i>Zaliczenie</i>	<i>Konstrukcja filogenezy, dyskusja.</i>
K1	<i>Wyciąga wnioski z własnych obserwacji, zestawia je z danymi literaturowi i potrafi znaleźć luki w rozumowaniu.</i>	<i>K.K8 +++</i>	<i>Seminarium 1-10</i>	<i>Zaliczenie</i>	<i>Ocena tez do dyskusji, ocena obliczeń oraz wniosków w trakcie dyskusji.</i>

Literatura i pomoce naukowe⁸

Literatura podstawowa

1. Cassilas S., Barbadilla A. 2017. *Molecular population genetics*. *Genetics* 205: 1003-1035. Dostęp: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5340319/>
2. Eupedia 2022. *Genetic maps of Europe*. Dostęp: https://www.eupedia.com/europe/genetic_maps_of_europe.shtml
3. Genepop on the Web. 2020. *Population genetics software*. Dostęp: <https://genepop.curtin.edu.au/>
4. Virtual Biology Lab. 2016. *An inquiry-based learning environment*. Dostęp: <https://virtualbiologylab.org/population-genetics/>

Inne pomoce naukowe

1. Komputery z dostępem do Internetu.
2. Drobnny sprzęt laboratoryjny.
3. Elektroforegramy oraz fluorogramy.

Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia zakładanych efektów uczenia się – bilans punktów ECTS

Udział w zajęciach, aktywność	Obciążenie studenta [h]		
	Inne godz. Kontaktowe (IGK)	Praca własna studenta: zajęcia bez nauczyciela (ZBN)	Zajęcia dydaktyczne
Udział w ćwiczeniach	-	-	10 h
Udział w seminarium			20 h
Udział w konsultacjach	5 h	-	-
Przygotowanie się do wykładów/ćwiczeń/seminariów/ Przygotowanie do zaliczenia/egzaminu	-	25 h	-
Sumaryczne obciążenie pracą studenta	5 h/ 0,2 ECTS	25 h/ 0,8 ECTS	30 h/ 1,0 ECTS
Punkty ECTS za przedmiot	2 ECTS ¹⁰		

Informacje dodatkowe, uwagi

W przypadku studentów ze szczególnymi potrzebami, w tym: z niepełnosprawnością, przewlekle chorych, określone powyżej (w karcie) metody i formy weryfikacji efektów uczenia się dostosowuje się odpowiednio do indywidualnych potrzeb tych studentów. Szczegółowe zasady i formy wsparcia studentów ze szczególnymi potrzebami: w tym z niepełnosprawnością, przewlekle chorych podczas zajęć, zaliczeń i egzaminów określono w: Regulaminie Studiów, Zasadach Studiowania, Procedurze dotyczącej zapewnienia dostępności procesu kształcenia studentom ze szczególnymi potrzebami, w tym: z niepełnosprawnością, przewlekle chorych.