

## PROGRAM Kursu Naukowego „LETNIA SZKOŁA TAKSONOMII” (edycja 2013)

18-20 września 2013

<b>Dzień 1: TAKSONOMIA KLASYCZNA / PUBLIKACJA NAUKOWA</b>	
8:00– 9:00	Rejestracja uczestników
9:00– 9:15	Otwarcie Kursu Naukowego
9:15 - 10:00	„ <i>Gyrodactylus spp.</i> - na skrzyżowaniu różnych koncepcji gatunku” Wykład inauguracyjny (dr hab. Marek Ziętara, prof. UG)
Prowadzący: dr hab. Joanna Mytnik-Ejmont, dr Przemysław Baranow, mgr Sławomir Nowak, mgr Elżbieta Grochocka	
10:15 - 14:00 (w tym przerwa kawowa)	<b>Taksonom: gatunek wymierający.</b> Wprowadzenie do warsztatów. <b>Najważniejsze zasady nomenklatury</b> (na przykładzie ICN). Zmiany w Kodeksie. Efektywne opublikowanie. Ważne opublikowanie. Typowanie (wskazywanie lektotypu, neotypu). Nazwa ważna i nieważna, zachowana i odrzucona.
14:00 - 15:30	przerwa obiadowa
15:30 - 19:00	<b>Publikacja nowego taksonu</b> (na przykładzie ICN). Tworzenie nazw taksonów. Przygotowanie rycin do druku. Ilustrowane słowniki nomenklatoryczne. Łacina botaniczna. <b>Jak opublikować artykuł w czasopiśmie recenzowanym?</b> Lista Thompson Reuters (tzw. “filadelfijska”, współczynnik Impact Factor. Index Hirscha. Lista MNiSW. Pozyskiwanie funduszy na badania. Dostęp do publikacji online. Elektroniczne bazy danych okazów. Wykorzystanie narzędzi internetowych w pracy taksonoma.
20:00 – 24.00	Kolacja integracyjna
<b>Dzień 2: ZASTOSOWANIE TAKSONOMII W BIOGEOGRAFII</b>	
Prowadzący: dr hab. Piotr Rutkowski, prof. UG	
9:00 - 13:30	<b>Metody biogeografii opisowej</b> ( <i>Panbiogeografia</i> ). <b>Metody biogeografii kladystycznej</b> ( <i>Cladistic Biogeography</i> ). <b>Metody biogeograficznej analizy obszarów</b> ( <i>Parsimony Analysis of endemism PAE, Cladistic Analysis of Distributions and Endemism CADE, Nested Areas of Endemism Analysis NAEA, Ancestral Area Analysis AAA, Dispersal and Vicariance Analysis DIVA</i> ).
13:30 - 15:00	przerwa obiadowa
Prowadzący: dr Marta Kolanowska	
15:00 – 18:00	<b>Modelowanie niszy i zasięgu gatunku</b> Teoretyczne podstawy modelowania potencjalnego zasięgu. Przygotowanie własnej bazy danych. Współczesne mapy bioklimatyczne oraz dane paleoklimatyczne. Praca z aplikacją MaxEnt. Interpretacja wyników (ENMTools). Zastosowanie i ograniczenia ENM.
19:00 – 21:00	Spacer po Gdańskiej Starówce z przewodnikiem



<b>Dzień 3: TAKSONOMIA MOLEKULARNA</b> Prowadzący: dr Marcin Górniak	
9:00 - 13:30	<b>Analiza sekwencji DNA.</b> Edycja sekwencji DNA ( <i>Chromas, FinchTV</i> ). Składanie sekwencji DNA (kontig) – określenie sekwencji konsensusowej <b>Analiza filogenetyczna 1.</b> Dopasowywanie sekwencji ( <i>Seaview</i> ). Określenie modelu substytucji ( <i>JModeltest</i> ). Konstrukcja drzew filogenetycznych za pomocą metod opartych na cechach: parsymonii ( <i>maximum parsimony</i> , MP), metoda bayesowska ( <i>Bayesian Inference</i> ): <i>MEGA, BEAST</i> .
13:30 - 15:00	przerwa obiadowa
15:00 – 19:00	<b>Analiza filogenetyczna 2.</b> Analiza i ocena wiarygodności drzewa za pomocą testu <i>bootstrap</i> . Obsługa programu <i>PAUP</i> w środowisku MAC OS 9. <b>Jak otrzymać numer identyfikacyjny sekwencji</b> ( <i>GenBank accession number</i> ) – obsługa programu <i>Sequin</i> oraz praca z bazą danych NCBI.
19:00	Zakończenie, rozdanie certyfikatów ukończenia szkolenia

Zajęcia odbywają się na Wydziale Biologii UG, ul. Kładki 24 w Gdańsku (na parterze, wykłady: sala wykładowa, warsztaty: sala 23)

**Rejestracja uczestników:** 18.09 w godz. 8.00-9.00 w budynku Wydziału Biologii, ul. Kładki 24 w Gdańsku, na parterze, w holu głównym obok auli.