

Студијски програм: ОАС Молекуларна и функционална биологија			
Назив предмета: Молекуларна систематика			
Наставници: Весна Миланков, Јасмина Лудошки			
Статус предмета: изборни			
Број ЕСПБ: 6			
Услов: нема			
Циљ предмета			
Развој интересовања и истраживачких капацитета у примени молекуларних података и техника у таксономији, систематици и филогенији.			
Исход предмета			
Овладавање и стицање савремених сазнања и вештина у проучавању молекуларне таксономије, систематике и филогеније. Коректна писмена и вербална интерпретација и евалуација молекуларних података у систематици.			
Садржај предмета			
Теоријска настава			
Таксономија: Традиционална таксономија, Нумеричка таксономија; Кладистичка таксономија; ДНК таксономија: предности и лимити у примени различитих молекуларних маркера нДНК, мтДНК и цпДНК; Интегративна таксономија; ДНК баркод систем; Систематика – принципи класификације: Фенетичка систематика, Кладистичка систематика, Филогенетска систематика; Хомологија и хомоплазија; Кладистичке категорије: монофилија, полифилија, парафилија; Еволуциона класификација: синтеза фенетичких и филогенетских принципа; Поларност стања карактера, Утврђивање поларности: аутгрупа, фосилни подаци; Проблеми и лимити молекуларне филогеније и систематике: Конкорданца и дискорданца еволуције гена нДНК, мтДНК и цпДНК, Конкорданца и дискорданца дрвета гена и дрвета врсте: еволуција гена <i>vs.</i> специјација; Методе филогенетске анализе: неукорењено и укоренењено дрво, методе засноване на матрици дистанце, методе засноване на стању карактера.			
Практична настава			
Молекуларни маркери и молекуларне методе у таксономији и систематици; Екстракција и умножавање одабраних фрагмената ДНК из различитих ткива биљних и животињских врста; Идентификација умножених баркод фрагмената (COI мтДНК) применом БЛАСТ (<i>Basic Local Alignment Search Tool</i>) алгоритма; Анализа интраспецијске варијабилности; Молекуларна идентификација врста: методе засноване на дистанци, карактеру и дрвету гена; Методе анализе филогенетских односа: модели и вероватноће у филогенији, алгоритми за конструисање кладограма; Методе највеће парсимоније, Методе највеће вероватноће, Бајесова метода филогенетског закључивања; Филогенетска анализа једнолокусних и вишелокусних података; Кладограм <i>vs.</i> филогенетска мрежа; Еволуциона диверзификација фенотипских карактера; Анализа студије случаја у оквиру сваке тематске јединице на основу радова публикованих у релевантним научним часописима.			
Литература			
Hillis, D.M., Moritz, C., Mable, B.K. (1996) Molecular systematics, 2nd edition. Sinauer Association.			
Ridley, M. (2005) Evolution. 3rd Edition. Blackwell Publishing.			
Миланков, В. (2007) Биолошка еволуција. ПМФ, Нови Сад.			
Лудошки, Ј. (2023) Методе у квантификовању фенотипског и генетичког диверзитета. Природно математички факултет, Универзитет у Новом Саду (електронски уџбеник).			
Број часова активне наставе	Теоријска настава: 2		Практична настава: 2+0
Методе извођења наставе			
Предавања, вежбе, самосталан рад студената (анализа одређеног проблема/теме, кратка презентација), консултације			
Оцена знања (максимални број поена 100)			
Предиспитне обавезе	поена	Завршни испит	поена
активност у току предавања		писмени испит	
практична настава		усмени испит	70
колоквијум-и			
семинар-и	30		