

Techniki rekonstrukcji filogenezy - opis przedmiotu

Informacje ogólne	
Nazwa przedmiotu	Techniki rekonstrukcji filogenezy
Kod przedmiotu	13.9-WB-BMD-TRF-W-S14_pNadGenB36LQ
Wydział	Wydział Nauk Biologicznych
Kierunek	Biologia / Biologia molekularna
Profil	ogólnoakademicki
Rodzaj studiów	drugiego stopnia z tyt. magistra
Semestr rozpoczęcia	semestr zimowy 2018/2019

Informacje o przedmiocie	
Semestr	4
Liczba punktów ECTS do zdobycia	4
Typ przedmiotu	obowiązkowy
Język nauczania	polski
Sylabus opracował	dr hab. inż. Andrzej Kasperski, prof. UZ

Formy zajęć					
Forma zajęć	Liczba godzin w semestrze (stacjonarne)	Liczba godzin w tygodniu (stacjonarne)	Liczba godzin w semestrze (niestacjonarne)	Liczba godzin w tygodniu (niestacjonarne)	Forma zaliczenia
Wykład	15	1	-	-	Egzamin
Laboratorium	15	1	-	-	Zaliczenie na ocenę

Cel przedmiotu

Zdobycie wiedzy na temat charakterystyki i budowy drzew filogenetycznych i ich istotnych parametrów. Rozumienie znaczenia topologii drzewa filogenetycznego, generowania kładów i węzłów. Rozumienie przeznaczenia drzew różnego typu (filogramy, kladogramy, drzewa nieukorzenione). Zdobycie wiedzy na temat algorytmów stosowanych do konstrukcji drzew filogenetycznych. Zdobycie umiejętności konstruowania molekularnych drzew filogenetycznych w oparciu o różne algorytmy obliczeniowe i różne programy. Opanowanie umiejętności weryfikacji wiarygodności wygenerowanych drzew filogenetycznych. Zdobycie umiejętności interpretacji wyników i pobierania informacji wynikającej z drzew filogenetycznych. Rozumienie mechanizmów ewolucyjnych na poziomie molekularnym.

Wymagania wstępne

Umiejętność obsługi komputera i Internetu. Umiejętność korzystania z biologicznych baz danych sekwencji aminokwasowych i nukleotydowych.

Zakres tematyczny

Etapy konstruowania drzew filogenetycznych. Oszacowanie i analiza istotności obserwowanego podobieństwa porównywanych sekwencji. Obliczanie dystansów ewolucyjnych. Główne cechy charakteryzujące drzewa filogenetyczne. Drzewa ukorzenione i nieukorzenione. Różne formy graficznego przedstawienia drzew filogenetycznych - kladogramy, filogramy i drzewa nieukorzenione. Zakres zastosowań drzew filogenetycznych w analizie zmienności ewolucyjnej i pokrewieństwa. Porównywanie drzew filogenetycznych. Format Newick. Teoretyczne podstawy algorytmów stosowanych do generowania drzew filogenetycznych. Metoda najbliższego sąsiedztwa, metoda największej oszczędności, metoda największej szansy, wnioskowanie bayesowskie - charakterystyka i zastosowanie. Programy do generowania drzew filogenetycznych: ClustalW2, Clustal Omega, MEGA, PhyML, MrBayes. Tworzenie konsensusowych drzew filogenetycznych. Wykrywanie ewolucji adaptacyjnej - program CodeML. Porównanie drzew filogenetycznych wygenerowanych w oparciu o analizę sekwencji nukleotydowych i odpowiadających im sekwencji aminokwasowych. Wybrane analizy filogenetyczne (np. z wykorzystaniem programu BioPython). Wykorzystanie metod sztucznej inteligencji w filogenetyce. Praktyczne ćwiczenia konstruowania drzew filogenetycznych.

Metody kształcenia

Wykład z prezentacjami multimedialnymi oraz korzystaniem z białkowych baz danych online oraz specjalistycznego oprogramowania bioinformatycznego do konstruowania, wizualizacji i analizy molekularnych drzew filogenetycznych. Laboratorium – wybrane analizy filogenetyczne w tym konstruowanie i porównywanie drzew filogenetycznych.

Efekty uczenia się i metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
ma wiedzę w zakresie specjalistycznego oprogramowania do konstruowania drzew filogenetycznych	K_W11	- egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład - Laboratorium
prawidłowo identyfikuje i rozstrzyga dylematy związane z rekonstrukcją filogenezy	K_U08 K_U11	obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład - Laboratorium

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
ma wiedzę w zakresie problemów z zakresu filogenezy	K_W02	- egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład - Laboratorium
ma wiedzę w zakresie zjawisk i procesów ewolucyjnych na poziomie molekularnym	K_W02	- egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład - Laboratorium
ma wiedzę w zakresie pojęć i terminologii stosowanej w filogenetyce i ewolucjonizmie	K_W01	- egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład - Laboratorium
wykazuje umiejętność poprawnego wnioskowania na podstawie danych pochodzących ze stosowanego oprogramowania i algorytmiki	K_U11	obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład - Laboratorium
stosuje wybrane algorytmy i zaawansowane oprogramowanie w zakresie konstruowania drzew filogenetycznych i analizy stopnia pokrewieństwa	K_U13	- egzamin - ustny, opisowy, testowy i inne - obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	- Wykład - Laboratorium

Warunki zaliczenia

Wykład – pisemny egzamin złożony z 10 pytań. Na pozytywną ocenę (dostateczny) należy udzielić prawidłowych odpowiedzi przynajmniej na 6 pytań (60%). Laboratorium - warunkiem zaliczenia jest uzyskanie pozytywnych ocen ze wszystkich ćwiczeń laboratoryjnych, przewidzianych do realizacji w ramach programu laboratorium.

Literatura podstawowa

1. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood, Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa 2011
2. Łatwe drzewa filogenetyczne - poradnik użytkownika, Barry Hall, Warszawa 2008

Literatura uzupełniająca

1. Fundamentals of Molecular Evolution, Dan Graur, Wen-Hsiung Li, 2000

Uwagi

Zmodyfikowane przez dr Katarzyna Dancewicz (ostatnia modyfikacja: 14-06-2018 06:09)

Wygenerowano automatycznie z systemu SylabUZ