Techniques of phylogenesis reconstruction - opis przedmiotu

Informacje ogólne

Nazwa przedmiotu	Techniques of phylogenesis reconstruction
Kod przedmiotu	13.9-WB-P-TPR-S19
Wydział	Wydział Nauk Biologicznych
Kierunek	WNB - oferta ERASMUS
Profil	-
Rodzaj studiów	Program Erasmus
Semestr rozpoczęcia	semestr zimowy 2019/2020

Informacje o przedmiocie

Semestr	2
Liczba punktów ECTS do zdobycia	4
Typ przedmiotu	obowiązkowy
Język nauczania	angielski
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	-	-	Zaliczenie na ocenę
Laboratorium	15	1	-	-	Zaliczenie na ocenę

Cel przedmiotu

Acquiring knowledge about the characteristics and construction of phylogenetic trees and their important parameters. Understanding the importance of phylogenetic tree topology, generation of clades and nodes. Understanding the purpose of various types of trees (filograms, cladograms, unrooted trees). Acquiring knowledge about algorithms used to construct phylogenetic trees. Acquiring the ability to construct molecular phylogenetic trees based on different computational algorithms. Acquiring the ability to interpret results and retrieve information resulting from phylogenetic trees.

Wymagania wstępne

Computer and Internet skills.

Zakres tematyczny

Stages of phylogenetic trees construction. Calculation of evolutionary distances. The main characteristics of phylogenetic trees. Rooted and unrooted trees. Various forms of graphical representation of phylogenetic trees - cladograms, filograms and unrooted trees. Comparing phylogenetic trees. Newick format. Theoretical basis of algorithms used to generate phylogenetic trees. The Neighbor Joining, Maximum Parsimony, Maximum Likelihood, Bayesian Inference methods - characteristics and application. Programs for generating phylogenetic trees. Creating consensus phylogenetic trees. Comparison of phylogenetic trees generated on the basis of analysis of nucleotide sequences and corresponding amino-acid sequences. Selected phylogenetic analyzes (e.g. using the Python program). Practical exercises of constructing phylogenetic trees and reconstructing phylogenesis using selected methods of artificial intelligence.

Metody kształcenia

Lecture with multimedia presentations and the use of online databases and specialized bioinformatics software for the construction, visualization and analysis of molecular phylogenetic trees. Laboratory - selected phylogenetic analyzes: construction of phylogenetic trees, reconstruction of phylogenesis using selected methods of artificial intelligence.

Efekty uczenia się i metody weryfikacji osiągania efektów uczenia się

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
student has knowledge of specialized software for the construction of phylogenetic trees		• kolokwium • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład • Laboratorium
correctly identifies and resolves dilemmas related to the reconstruction of phylogenesis		• obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład • Laboratorium
has knowledge of problems in the field of phylogenesis		• kolokwium • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład • Laboratorium

Opis efektu	Symbole efektów	Metody weryfikacji	Forma zajęć
has knowledge of evolutionary phenomena and processes at the molecular level		• kolokwium • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład • Laboratorium
has knowledge of the concepts and terminology used in phylogenetics and evolution		• kolokwium • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład • Laboratorium
demonstrates the ability to correctly conclude on the basis of data from used software and algorithmics		• obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład • Laboratorium
uses selected algorithms and advanced software in the field of phylogenetic tree construction and degree of relationship		• kolokwium • obserwacja i ocena aktywności na zajęciach	• Wykład • Laboratorium

Warunki zaliczenia

Lecture - written colloquium consisting of 5 questions. The correct answers to at least 3 questions (60%) are required to get the pass mark credit. Laboratory - the condition for passing is to obtain positive grades from all laboratory exercises planned for implementation as part of the laboratory program.

Literatura podstawowa

1. Bioinformatics and Molecular Evolution, Paul G. Higgs, Teresa K. Attwood, Wiley-Blackwell, 2005.

2. Phylogenetic Trees Made Easy, Barry G. Hall, Oxford University Press, 2017.

Literatura uzupełniająca

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

Uwagi

Zmodyfikowane przez dr hab. inż. Andrzej Kasperski, prof. UZ (ostatnia modyfikacja: 30-04-2019 17:42)

Wygenerowano automatycznie z systemu SylabUZ