

Phylogenetic Reconstruction Techniques - course description

General information	
Course name	Phylogenetic Reconstruction Techniques
Course ID	13.9-WB-BMD-TRF-W-S14_pNadGenB36LQ
Faculty	Faculty of Biological Sciences
Field of study	Biology / Biologia molekularna
Education profile	academic
Level of studies	Second-cycle studies leading to MS degree
Beginning semester	winter term 2021/2022

Course information	
Semester	4
ECTS credits to win	4
Course type	obligatory
Teaching language	polish
Author of syllabus	dr hab. inż. Andrzej Kasperski, prof. UZ

Classes forms					
The class form	Hours per semester (full-time)	Hours per week (full-time)	Hours per semester (part-time)	Hours per week (part-time)	Form of assignment
Lecture	15	1	-	-	Exam
Laboratory	15	1	-	-	Credit with grade

Aim of the course

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.

Prerequisites

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

Scope

Wykład: 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. 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 Python).

Laboratorium: Praktyczne ćwiczenia konstruowania drzew filogenetycznych oraz wykorzystanie wybranych metod sztucznej inteligencji do rekonstrukcji filogenezy.

Teaching methods

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: konstruowanie drzew filogenetycznych, wykorzystanie wybranych metod sztucznej inteligencji do rekonstrukcji filogenezy.

Learning outcomes and methods of theirs verification

Outcome description	Outcome symbols	Methods of verification	The class form
ma wiedzę w zakresie specjalistycznego oprogramowania do konstruowania drzew filogenetycznych	K_W11	- an exam - oral, descriptive, test and other - an observation and evaluation of activities during the classes	- Lecture - Laboratory
prawidłowo identyfikuje i rozstrzyga dylematy związane z rekonstrukcją filogenezy	K_U11	an observation and evaluation of activities during the classes	- Lecture - Laboratory

Outcome description	Outcome symbols	Methods of verification	The class form
ma wiedzę w zakresie problemów z zakresu filogenezy	K_W01	- an exam - oral, descriptive, test and other - an observation and evaluation of activities during the classes	- Lecture - Laboratory
ma wiedzę w zakresie zjawisk i procesów ewolucyjnych na poziomie molekularnym	K_W02	- an exam - oral, descriptive, test and other - an observation and evaluation of activities during the classes	- Lecture - Laboratory
ma wiedzę w zakresie pojęć i terminologii stosowanej w filogenetyce i ewolucjonizmie	K_W01	- an exam - oral, descriptive, test and other - an observation and evaluation of activities during the classes	- Lecture - Laboratory
wykazuje umiejętność poprawnego wnioskowania na podstawie danych pochodzących ze stosowanego oprogramowania i algorytmiki	K_U11	an observation and evaluation of activities during the classes	- Lecture - Laboratory
stosuje wybrane algorytmy i zaawansowane oprogramowanie w zakresie konstruowania drzew filogenetycznych i analizy stopnia pokrewieństwa	K_U13	- an exam - oral, descriptive, test and other - an observation and evaluation of activities during the classes	- Lecture - Laboratory

Assignment conditions

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.

Recommended reading

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

Further reading

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

Notes

Modified by dr Renata Grochowalska (last modification: 07-04-2021 15:20)

Generated automatically from SylabUZ computer system