

KARTA KURSU (realizowanego w module specjalności)

Biologia eksperymentalna i środowiskowa
(nazwa specjalności)

Nazwa	Analiza filogenetyczna	
Nazwa w j. ang.	Phylogenetic analysis	
Koordynator	Dr Grzegorz Migdałek	Zespół dydaktyczny
Punktacja ECTS*	1	

Opis kursu (cele kształcenia)

Kurs ma na celu zapoznanie studentów z podstawami teorii analizy filogenetycznej oraz praktyczne zaprezentowanie procedur stosowanych w rekonstrukcji powiązań filogenetycznych pomiędzy organizmami. Student poznaje poszczególne etapy komputerowej analizy filogenetycznej z zastosowaniem różnych algorytmów i odmiennych rodzajów danych, metod statystycznego testowania drzew filogenetycznych a także genealogii haplotypów przez konstruowanie sieci filogenetycznych.

Efekty kształcenia

	Efekt kształcenia dla kursu	Odniesienie do efektów dla specjalności (określonych w karcie programu studiów dla modułu specjalnościowego)
Wiedza	W01. Wymienia podstawowe pojęcia związane z rekonstrukcją filogenezy oraz rodzaje drzew filogenetycznych	W01, W08, W13
	W02. Rozróżnia najczęściej stosowane formaty macierzy danych wejściowych i zapisu drzew filogenetycznych	W13
	W03. Rozumie założenia poszczególnych metod rekonstrukcji filogenezy i procedury wykonywane na poszczególnych jej etapach.	W13
	W04. Definiuje koncepcję zegara molekularnego i wymienia metody datowania drzew filogenetycznych	W01, W08
	W05. Charakteryzuje możliwości jakie daje konstrukcja sieci filogenetycznych w analizie genealogii haplotypów	W13

	Efekt kształcenia dla kursu	Odniesienie do efektów dla specjalności (określonych w karcie programu studiów dla modułu specjalność)
Umiejętności	U01. Dobiera odpowiednią metodę rekonstrukcji filogenezy dla danego zestawu danych i danego problemu badawczego	U01, U02
	U02. Sporządza macierz danych wejściowych w odpowiednim formacie, potrafi przy użyciu odpowiednich narzędzi zmienić format danych	U01
	U03. Dokonuje analizy statystycznej uzyskanego drzewa i je graficznie opracowuje	U02
	U04. Interpretuje uzyskane wyniki i formułuje na ich podstawie wnioski	U02

Kompetencje społeczne	Efekt kształcenia dla kursu	Odniesienie do efektów dla specjalności (określonych w karcie programu studiów dla modułu specjalnościowego)
	K01. Rozumie konieczność uzupełniania wiedzy w oparciu o aktualne dane	K02, K03
	K02. W interpretacji zjawisk korzysta z podstaw empirycznych oraz metod statystycznych i narzędzi informatycznych	K03
	K03. Ma świadomość swojego własnego spojrzenia na pewne mechanizmy ewolucji	K03

Organizacja											
Forma zajęć	Wykład (W)	Ćwiczenia w grupach									
		A		K		L		S		P	E
Liczba godzin	5					15					

Opis metod prowadzenia zajęć

Podczas wykładów omawiane są realizowane treści, przedstawiane są schematy, zdjęcia, rysunki oraz prezentacje multimedialne.

Podczas ćwiczeń studenci zapoznają się w praktyce z programami komputerowymi do analizy filogenetycznej.

Formy sprawdzania efektów kształcenia

	E – learning	Gry dydaktyczne	Ćwiczenia w szkole	Zajęcia terenowe	Praca laboratoryjna	Projekt indywidualny	Projekt grupowy	Udział w dyskusji	Referat	Praca pisemna (esej)	Egzamin ustny	Egzamin pisemny	Kolokwium zaliczeniowe
W01													X
W02					X	X							X
W03					X	X							X
W04					X	X							X
W05					X	X							X
U01					X	X							
U02					X	X							
U03					X	X							
U04					X	X							
K01					X	X							
K02					X	X							
K03					X	X							

Kryteria oceny	Warunkiem zaliczenia kursu jest otrzymanie zaliczenia z końcowego kolokwium zaliczeniowego (50% punktów) oraz projektu indywidualnego
----------------	---

Uwagi	Kurs prowadzony w języku polskim
-------	----------------------------------

Treści merytoryczne (wykaz tematów)

1. Wprowadzenie do rekonstrukcji filogenezy, typy homologii i homoplazji, argumentacja cech, cechy informatywne i nieinformatywne, ważenie cech, rodzaje drzew filogenetycznych, sposoby graficznej prezentacji 2. Matryce danych, formaty matryc danych (FASTA, PHYLIP, MEGA, NEXUS) 3. Algorytmy przyrównywania sekwencji, przyrównywanie dwóch i wielu sekwencji 4. Konstruowanie drzew filogenetycznych: UPGMA, Neighbor-Joining, Maximum Likelihood, Maksymalna Parsymonia, metoda Bayesa, procedury przeszukiwania zbioru danych (heurystyczna, branch-and-bound, quartet puzzling), drzewa konsensusowe 5. Analiza statystyczna zrekonstruowanego drzewa: sygnał filogenetyczny (splits), podstawowe parametry statystyczne drzew, metody próbkowania (jackknife i bootstrap) 6. Matematyczny zapis drzewa filogenetycznego (format Newick) i graficzne opracowanie

drzew filogenetycznych

7. Koncepcja zegara molekularnego w filogenetyce, datowanie drzew filogenetycznych
8. Analiza genealogii haplotypów (minimum spanning network, statystyczna parsymonia).

Wykaz literatury podstawowej

Hall B. Łatwe drzewa filogenetyczne, WUW, Warszawa, 2008,
Spalik K., Piwczyński M. 2009. Rekonstrukcja filogenezy i wnioskowanie filogenetyczne w badaniach ewolucyjnych. Kosmos 27(3-4):485–498

Wykaz literatury uzupełniającej

Diana Lipscomb, Basics of Cladistic Analysis, George Washington University, Washington D.C., 1998,
Joseph Felsenstein, Inferring phylogenies, Sinauer Associates, 2004,
Małobęcki, A., Marcussen, T., Bohdanowicz, J., Migdałek, G., Słomka, A., & Kuta, E. (2016). Cleistogamy and phylogenetic position of *Viola uliginosa* (Violaceae) re-examined. Botanical Journal of the Linnean Society, 182(1), 180–194.

Bilans godzinowy zgodny z CNPS (Całkowity Nakład Pracy Studenta)

Ilość godzin w kontakcie z prowadzącymi	Wykład	5
	Konwersatorium (ćwiczenia, laboratorium itd.)	15
	Pozostałe godziny kontaktu studenta z prowadzącym	2
Ilość godzin pracy studenta bez kontaktu z prowadzącymi	Lektura w ramach przygotowania do zajęć	4
	Przygotowanie krótkiej pracy pisemnej lub referatu po zapoznaniu się z niezbędną literaturą przedmiotu	0
	Przygotowanie projektu lub prezentacji na podany temat (praca w grupie)	4
	Przygotowanie do egzaminu	0
Ogółem bilans czasu pracy		30
Ilość punktów ECTS w zależności od przyjętego przelicznika		1