

Analiza filogenetyczna

Sylabus zajęć

Informacje podstawowe

Kierunek studiów Bioinformatyka		Cykl dydaktyczny 2024/25	
Specjalność -		Kod zajęć 01BINS.21N.00001.24	
Jednostka organizacyjna Wydział Biologii		Języki wykładowe polski	
Poziom studiów studia drugiego stopnia		Obligatoryjność Obowiązkowy	
Forma studiów studia stacjonarne		Blok zajęciowy Przedmioty nieprzypisane	
Profil studiów profil ogólnoakademicki			
Koordynator zajęć	Jacek Dabert		
Prowadzący zajęcia	Jacek Dabert, Eliza Głowska		
Okres Semestr 1	Forma zajęć / liczba godzin / forma zaliczenia - Wykład: 15, Egzamin - Laboratorium: 45, Zaliczenie z oceną		Liczba punktów ECTS 5

Cele kształcenia dla zajęć

Kod	Cel
C1	Zapoznanie studentów z podstawami teorii analizy filogenetycznej oraz praktyczne zaprezentowanie procedur stosowanych w rekonstrukcji powiązań filogenetycznych pomiędzy organizmami.
C2	Zaprezentowanie poszczególnych etapów komputerowej analizy filogenetycznej z zastosowaniem różnych algorytmów i odmiennych rodzajów danych.
C3	Zapoznanie z procedurami statystycznego testowania drzew filogenetycznych.
C4	Analizowanie współbieżnych zjawisk kofilogenetycznych w układzie gospodarz-symbiot (mutualizm, pasożytnictwo) na podstawie konstruowania drzew genowych i statystycznej analizy kofilogenetycznej.
C5	Wykrywanie szumu filogenetycznego (alternatywnego sygnału filogenetycznego).
C6	Datowanie molekularne przebiegu filogenezy.

Wymagania wstępne

Znajomość podstaw ewolucji bioróżnorodności, biologii ewolucyjnej i statystyki.

Efekty uczenia się dla zajęć

Kod	Efekty uczenia się dla zajęć w zakresie	Efekty uczenia się dla kierunku	Metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się dla zajęć
Wiedzy - Student/ka:			
W1	zna specjalistyczną terminologię używaną w rekonstrukcji filogenezy, zasady konstruowania i testowania uzyskanych samodzielnie rezultatów różnorodnych analiz filogenetycznych oraz ewolucyjne podstawy interpretacji wyników.	BIN_K2_W02, BIN_K2_W03	Egzamin pisemny, Egzamin ustny, Kolokwium pisemne, Test, Raport
Umiejętności - Student/ka:			
U1	potrafi przygotować matrycę danych do analizy filogenetycznej przy zastosowaniu różnych formatów dla danych morfologicznych, molekularnych i kombinowanych.	BIN_K2_U04, BIN_K2_U05, BIN_K2_U07	Egzamin pisemny, Egzamin ustny, Kolokwium pisemne, Test, Raport
U2	potrafi zrekonstruować drzewo filogenetyczne przy pomocy różnych podejść metodologicznych, rozumiejąc zasady działania poszczególnych metod filogenetycznych i znając ich możliwości i ograniczenia.	BIN_K2_U04, BIN_K2_U05, BIN_K2_U07	Egzamin pisemny, Egzamin ustny, Kolokwium pisemne, Test, Raport
U3	potrafi przeprowadzić i zinterpretować testy statystyczne stabilności drzewa filogenetycznego.	BIN_K2_U04	Egzamin pisemny, Egzamin ustny, Kolokwium pisemne, Test, Raport
U4	potrafi analizować metodami kofilogenetycznymi i interpretować historię powstania interakcji pomiędzy obiektami biologicznymi.	BIN_K2_U03, BIN_K2_U04, BIN_K2_U05, BIN_K2_U07	Egzamin pisemny, Egzamin ustny, Kolokwium pisemne, Test, Raport
U5	potrafi wykryć fałszywy sygnał filogenetyczny w analizowanych danych i oszacować jego wpływ na rezultaty.	BIN_K2_U03, BIN_K2_U04, BIN_K2_U05, BIN_K2_U07	Egzamin pisemny, Egzamin ustny, Kolokwium pisemne, Test, Raport

Kod	Efekty uczenia się dla zajęć w zakresie	Efekty uczenia się dla kierunku	Metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się dla zajęć
U6	potrafi przeprowadzić datowaną analizę filogenetyczną posługując się danymi molekularnymi i kalibracją za pomocą danych fosylnych.	BIN_K2_U03, BIN_K2_U04, BIN_K2_U05	Egzamin pisemny, Egzamin ustny, Kolokwium pisemne, Test, Raport
Kompetencji społecznych - Student/ka:			
K1	jest gotów/owa do współpracy w ramach grupy, znajdowania błędów we własnej i cudzej analizie oraz pomocy innym studentom w znalezieniu właściwego rezultatu.	BIN_K2_K01, BIN_K2_K02, BIN_K2_K06	Egzamin ustny

Treści programowe dla zajęć

Lp.	Treści programowe dla zajęć	Efekty uczenia się dla zajęć	Formy zajęć
1.	Specjalistyczne terminy stosowane w rekonstrukcji filogenezy, w tym: terminologia dotycząca cech (typy homologii i homoplazji, argumentacja cech, cechy informatywne i nieinformatywne, ważenie cech), drzewa filogenetyczne (terminologia, rodzaje drzew, sposoby graficznej prezentacji), taksony naturalne i sztuczne.	W1	Wykład, Laboratorium
2.	Przygotowanie matrycy danych: rodzaje cech, matryce danych, formaty matryc danych, w tym NEXUS.	W1, U1, K1	Laboratorium
3.	Konstruowanie drzew filogenetycznych: koncepcja zegara molekularnego w filogenetyce, UPGMA, Neighbor-Joining, Maksymalna Parsymonia, Maximum Likelihood, Wnioskowanie Bayesowskie, procedury przyspieszające obliczenia (heurystyczna, branch-and-bound), drzewa konsensusowe.	W1, U1, U2	Wykład, Laboratorium
4.	Analiza statystyczna zrekonstruowanego drzewa: podstawowe parametry statystyczne drzew, metody próbkowania (jackknife i bootstrap), indeks Bremera.	W1, U1, U2, U3, K1	Wykład, Laboratorium
5.	Analiza kofilogenetyczna: podstawowe zjawiska kofilogenetyczne, procedura BPA (Brooks Parsimony Analysis) i drzewa uzgodnione (TreeMap, Jungle), statystyczna analiza rezultatów.	W1, U1, U2, U3, U4, K1	Wykład, Laboratorium
6.	Źródła szumu filogenetycznego, metody jego wykrywania i unikania (Densitree, SplitTree)	W1, U1, U2, U3, U5, K1	Wykład, Laboratorium
7.	Rekonstrukcja chronogramu za pomocą metod wygładzania i metod bayesowskich, kalibrowanie drzewa zultrametryzowanego punktami kalibracyjnymi (fosylia).	W1, U1, U2, U3, U6, K1	Wykład, Laboratorium

Informacje dodatkowe

Forma zajęć	Metody i formy prowadzenia zajęć
Wykład	Wykład z prezentacją multimedialną wybranych zagadnień, Wykład problemowy

Forma zajęć	Metody i formy prowadzenia zajęć
Laboratorium	Rozwiązywanie zadań (np.: obliczeniowych, artystycznych, praktycznych), Metoda ćwiczeniowa, Metoda warsztatowa

Forma zajęć	Warunki zaliczenia zajęć
Wykład	Warunkiem zdania egzaminu jest otrzymanie pozytywnej oceny średniej z egzaminu pisemnego lub ustnego. Kryteria oceny: • bardzo dobry (bdb; 5,0): obecność na wykładach; uzyskanie co najmniej 90% punktów z egzaminu; aktywny udział w zajęciach • dobry plus (+db; 4,5): obecność na wykładach; uzyskanie co najmniej 80% punktów z egzaminu; aktywny udział w zajęciach • dobry (db; 4,0): obecność na zajęciach; uzyskanie co najmniej 75% punktów z egzaminu; aktywny udział w zajęciach • dostateczny plus (+dst; 3,5): obecność na wykładach; uzyskanie co najmniej 65% punktów z egzaminu; • dostateczny (dst; 3,0): uzyskanie co najmniej 51% punktów z egzaminu; • niedostateczny (ndst; 2,0): więcej niż 4 nieusprawiedliwione nieobecności na wykładach; uzyskanie mniej niż 50% punktów z egzaminu
Laboratorium	Warunkiem zaliczenia ćwiczeń jest otrzymanie pozytywnej oceny średniej z kolokwium pisemnego, testu oraz raportu. Kryteria oceny: • bardzo dobry (bdb; 5,0): obecność na zajęciach; przygotowanie raportów, uzyskanie co najmniej 90% punktów z kolokwium końcowego i testu; aktywny udział w zajęciach • dobry plus (+db; 4,5): obecność na zajęciach; przygotowanie raportów, uzyskanie co najmniej 80% punktów na kolokwium końcowego i testu; aktywny udział w zajęciach • dobry (db; 4,0): obecność na zajęciach; przygotowanie raportów, uzyskanie co najmniej 75% punktów na kolokwium końcowego i testu; aktywny udział w zajęciach • dostateczny plus (+dst; 3,5): obecność na zajęciach; przygotowanie raportów, uzyskanie co najmniej 65% punktów na kolokwium końcowego i testu • dostateczny (dst; 3,0): uzyskanie co najmniej 51% punktów z kolokwium końcowego i testu, przygotowanie raportów • niedostateczny (ndst; 2,0): więcej niż trzy nieusprawiedliwione nieobecności na zajęciach; uzyskanie mniej niż 50% punktów z kolokwium końcowego i testu, nieprzygotowanie raportów

Literatura

Obowiązkowa

1. Barry Hall: Łatwe drzewa filogenetyczne, WUW, Warszawa, 2008

Dodatkowa

1. Diana Lipscomb: Basics of Cladistic Analysis, George Washington University, Washington D.C., 1998
2. Joseph Felsenstein: Inferring phylogenies, Sinauer Associates, Sunderland, Sinauer Ass., 2004
3. Reece i in.: Biologia Campbella, Rebis Pearson, Poznań, 2016

Nakład pracy studenta i punkty ECTS

Rodzaje zajęć studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
Wykład	15
Laboratorium	45

Przygotowanie do zajęć	20
Czytanie wskazanej literatury	10
Przygotowanie raportu	20
Przygotowanie do zaliczenia	15
Przygotowanie do egzaminu	25
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 150
Liczba punktów ECTS	ECTS 5

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Efekty uczenia się dla kierunku

Kod	Treść
BIN_K2_K01	Absolwent/ka jest gotów/gotowa do krytycznej oceny posiadanej wiedzy i odbieranych treści z zakresu biologii i bioinformatyki
BIN_K2_K02	Absolwent/ka jest gotów/gotowa do samodzielnego i konsekwentnego poszerzania i aktualizowania wiedzy z zakresu bioinformatyki i dziedzin pokrewnych
BIN_K2_K06	Absolwent/ka jest gotów/gotowa do współpracy ze specjalistami z dziedzin pokrewnych oraz zasięgania opinii ekspertów w przypadku trudności z samodzielnym rozwiązaniem problemu
BIN_K2_U03	Absolwent/ka potrafi samodzielnie dobierać i stosować zaawansowane metody bioinformatyczne do opisywania złożonych zjawisk i procesów biologicznych oraz analizy wielkoskalowych danych biologicznych
BIN_K2_U04	Absolwent/ka potrafi formułować i rozwiązywać złożone problemy biologiczne z zastosowaniem narzędzi bioinformatycznych
BIN_K2_U05	Absolwent/ka potrafi samodzielnie dobierać źródła danych biologicznych i bioinformatycznych oraz informacje z nich pochodzące, dokonywać oceny, krytycznej analizy i syntezy tych informacji
BIN_K2_U07	Absolwent/ka potrafi posługiwać się językiem angielskim oraz specjalistyczną terminologią w zakresie nauk przyrodniczych i informatycznych, zgodnie z wymaganiami określonymi dla poziomu B2+ Europejskiego Systemu Opisu Kształcenia Językowego
BIN_K2_W02	Absolwent/ka zna i rozumie w pogłębionym stopniu metody, techniki i narzędzia informatyczne stosowane w analizie danych biologicznych
BIN_K2_W03	Absolwent/ka zna i rozumie złożone zjawiska i procesy biologiczne oraz ich wzajemne powiązania na różnych poziomach organizacji życia