

Analiza filogenetyczna

Sylabus zajęć

Informacje podstawowe

Kierunek studiów Biologia Specjalność - Jednostka organizacyjna Wydział Biologii Poziom studiów studia drugiego stopnia Forma studiów studia niestacjonarne Profil studiów profil ogólnoakademicki		Cykl dydaktyczny 2024/25 Kod zajęć 01BION.21K.00001.24 Języki wykładowe polski Obligatoryjność Obowiązkowy Blok zajęciowy Przedmioty kierunkowe
Koordynator zajęć	Jacek Dabert	
Prowadzący zajęcia	Jacek Dabert, Eliza Głowska	
Okres Semestr 1	Forma zajęć / liczba godzin / forma zaliczenia - Wykład: 10, Egzamin; w tym zajęcia zdalne: - Wykład synchroniczny: 10 - Ćwiczenia: 15, 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.	BIO_K2_W01, BIO_K2_W02, BIO_K2_W06	Egzamin pisemny, Test
Umiejętności - Student/ka:			
U1	potrafi przygotować matrycę danych do analizy filogenetycznej przy zastosowaniu różnych formatów dla danych morfologicznych, molekularnych i kombinowanych.	BIO_K2_U02, BIO_K2_U03, BIO_K2_U04	Egzamin pisemny, Test
U2	potrafi zrekonstruować drzewo filogenetyczne przy pomocy różnych podejść metodologicznych, rozumiejąc zasady działania poszczególnych metod filogenetycznych i znając ich możliwości i ograniczenia.	BIO_K2_U02, BIO_K2_U03, BIO_K2_U04	Egzamin pisemny, Test
U3	potrafi przeprowadzić i zinterpretować testy statystyczne stabilności drzewa filogenetycznego.	BIO_K2_U02, BIO_K2_U03	Egzamin pisemny, Test
U4	potrafi analizować metodami kofilogenetycznymi i interpretować historię powstania interakcji pomiędzy obiektami biologicznymi.	BIO_K2_U02, BIO_K2_U03, BIO_K2_U04	Egzamin pisemny, Test
U5	potrafi przeprowadzić datowaną analizę filogenetyczną posługując się danymi molekularnymi i kalibracją za pomocą danych fosylowych.	BIO_K2_U02, BIO_K2_U03, BIO_K2_U04	Egzamin pisemny, Test
Kompetencji społecznych - Student/ka:			

Kod	Efekty uczenia się dla zajęć w zakresie	Efekty uczenia się dla kierunku	Metody weryfikacji osiągnięcia efektów uczenia się dla zajęć
K1	jest gotów/owa do współpracy w ramach grupy, znajdowania błędów we własnej i cudzej analizie oraz pomocy innym studentom w znalezieniu właściwego rezultatu.	BIO_K2_K01, BIO_K2_K02, BIO_K2_K05	Egzamin pisemny, Test

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, Wykład synchroniczny
2.	Przygotowanie matrycy danych: rodzaje cech, matryce danych, formaty matryc danych, w tym NEXUS.	W1, U1, K1	Wykład, Ćwiczenia, Wykład synchroniczny
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, Ćwiczenia, Wykład synchroniczny
4.	Analiza statystyczna zrekonstruowanego drzewa: podstawowe parametry statystyczne drzew, metody próbkowania (jackknife i bootstrap), indeks Bremera.	W1, U1, U2, U3, K1	Wykład, Ćwiczenia, Wykład synchroniczny
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, Ćwiczenia, Wykład synchroniczny
6.	Rekonstrukcja chronogramu za pomocą metod wygładzania i metod bayesowskich, kalibrowanie drzewa zultrametryzowanego punktami kalibracyjnymi (fosylia).	W1, U1, U2, U3, U5, K1	Wykład, Ćwiczenia, Wykład synchroniczny

Informacje dodatkowe

Forma zajęć	Metody i formy prowadzenia zajęć
Wykład	Wykład z prezentacją multimedialną wybranych zagadnień, Dyskusja
Ćwiczenia	Metoda ćwiczeniowa, Praca w grupach, Rozwiązywanie zadań obliczeniowych

Forma zajęć	Warunki zaliczenia zajęć
Wykład	Egzamin pisemny. Warunkiem przystąpienia do egzaminu jest zaliczenie ćwiczeń. • 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
Ćwiczenia	Warunkiem zaliczenia ćwiczeń jest aktywny udział w zajęciach i uzyskanie pozytywnej oceny średniej z testów cząstkowych. Kryteria oceny: • bardzo dobry (bdb; 5,0): obecność na zajęciach; uzyskanie co najmniej 90% punktów z średniej testów cząstkowych; aktywny udział w zajęciach • dobry plus (+db; 4,5): obecność na zajęciach; uzyskanie co najmniej 80% punktów z średniej testów cząstkowych; aktywny udział w zajęciach • dobry (db; 4,0): obecność na zajęciach; uzyskanie co najmniej 75% punktów na kolokwium końcowym; aktywny udział w zajęciach • dostateczny plus (+dst; 3,5): obecność na zajęciach; przygotowanie raportów, uzyskanie co najmniej 65% punktów z średniej testów cząstkowych • dostateczny (dst; 3,0): uzyskanie co najmniej 51% punktów z średniej testów cząstkowych • niedostateczny (ndst; 2,0): więcej niż trzy nieusprawiedliwione nieobecności na zajęciach; uzyskanie mniej niż 50% punktów z średniej testów cząstkowych

Literatura

Obowiązkowa

1. Barry Hall: Łatwe drzewa filogenetyczne, WUW, Warszawa, 2008 (wybrane fragmenty)

Dodatkowa

1. Diana Lipscomb: Basics of Cladistic Analysis, George Washington University, Washington D.C., 1998 (wybrane fragmenty)
2. Urry L. i in.: Biologia Campbella, Rebis Pearson, Poznań, 2023 (wybrane fragmenty)

Nakład pracy studenta i punkty ECTS

Rodzaje zajęć studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
Wykład	10
Ćwiczenia	15
Przygotowanie do zajęć	30
Czytanie wskazanej literatury	15
Przygotowanie do zaliczenia	20
Przygotowanie do egzaminu	35

Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 125
Liczba punktów ECTS	ECTS 5

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Efekty uczenia się dla kierunku

Kod	Treść
BIO_K2_K01	Absolwent/ka jest gotów/gotowa do krytycznej oceny oraz systematycznej aktualizacji swojej wiedzy biologicznej i informacji o jej praktycznych zastosowaniach
BIO_K2_K02	Absolwent/ka jest gotów/gotowa do odpowiedzialnej współpracy w zespołach badawczych, zasięgania opinii ekspertów w przypadku trudności z samodzielnym rozwiązaniem problemu
BIO_K2_K05	Absolwent/ka jest gotów/gotowa do prawidłowego identyfikowania i rozstrzygania dylematów związanych z wykonywaną pracą zgodnie z zasadami etyki
BIO_K2_U02	Absolwent/ka potrafi stosować techniki i narzędzia badawcze adekwatne do rozwiązywania postawionych zadań i realizacji projektu badawczego w ramach pracy magisterskiej
BIO_K2_U03	Absolwent/ka potrafi dobierać i stosować narzędzia matematyczne, statystyczne i bioinformatyczne do opisu oraz interpretacji zjawisk i procesów biologicznych
BIO_K2_U04	Absolwent/ka potrafi krytycznie analizować, selekcjonować oraz interpretować dane biologiczne pochodzące z różnych źródeł i na tej podstawie wyciągać uzasadnione wnioski
BIO_K2_W01	Absolwent/ka zna i rozumie złożoność procesów i zjawisk w przyrodzie, których analiza wymaga znajomości metodologii badań przyrodniczych, zastosowania zróżnicowanej metodyki i ujęcia interdyscyplinarnego
BIO_K2_W02	Absolwent/ka zna i rozumie problemy badawcze z pogranicza nauk biologicznych, które wymagają zastosowania zaawansowanych narzędzi nauk ścisłych
BIO_K2_W06	Absolwent/ka zna i rozumie w pogłębionym stopniu istotne zagadnienia z zakresu wybranych działów biologii (np. biologia molekularna, biologia komórki, biologia organizmu, ekologia, biologia ewolucyjna), zgodnie ze ścieżką kształcenia i tematyką projektu badawczego realizowanego w ramach pracy magisterskiej