

1.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku polskim Ewolucja molekularna i filogenetyka
2.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku angielskim Molecular evolution and phylogenetics
3.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
4.	Kod przedmiotu/modułu 29-BT-S2-E2-EMiF 29-BT-S2-E2-EMiFc
5.	Rodzaj przedmiotu/modułu (<i>obowiązkowy lub fakultatywny</i>) Obowiązkowy
6.	Kierunek studiów Biotechnologia
7.	Poziom studiów (<i>I lub II stopień lub jednolite studia magisterskie</i>) II stopień
8.	Rok studiów (<i>jeśli obowiązuje</i>) I rok
9.	Semestr (<i>zimowy lub letni</i>) Letni
10.	Forma zajęć i liczba godzin Wykład: 15 godzin Ćwiczenia: 45 godzin
11.	Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy osoby prowadzącej zajęcia Dr hab. Paweł Mackiewicz
12.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu/modułu oraz zrealizowanych przedmiotów Zaliczony kurs informatyki (obsługi komputera). Podstawowe informacje i zaliczone kursy z genetyki i biologii molekularnej oraz dobra znajomość języka angielskiego.
13.	Cele przedmiotu Zrozumienie molekularnych podstaw ewolucji. Poznanie algorytmów i metod: przyrównania (dopasowania) par sekwencji (macierz punktów, programowanie dynamiczne) i wielu sekwencji oraz poprawiania i edycji przyrównań. Zapoznanie się z metodami poszukiwania: sekwencji podobnych w bazach danych (algorytmy FASTA i BLAST), motywów i wzorów w sekwencjach. Poznanie metod filogenetyki molekularnej: zebranie sekwencji homologicznych, przyrównanie sekwencji, określenie modelu substytucji, skonstruowanie drzewa filogenetycznego, analiza i ocena drzewa filogenetycznego, testowanie hipotez filogenetycznych. Poznanie na przykładach ewolucji genów, białek i genomów oraz odtwarzania filogenezy grup organizmów. Poznanie idei datowania molekularnego.

14.	<p>Zakładane efekty kształcenia</p> <p>Wiedza: Student zna podstawowy ewolucji zachodzącej na poziomie molekularnym. Rozumie teoretyczne i praktyczne podstawy analiz bioinformatycznych związanych z ewolucją: poszukiwanie sekwencji homologicznych, przyrównywanie sekwencji i ich edycja, analizy filogenetyczne, ocena istotności drzewa, testowanie hipotez filogenetycznych. Wie, na czym polegają analizy genomowe i filogenetyczne oraz datowanie molekularne.</p> <p>Umiejętności: Student potrafi obsługiwać podstawowe programy i narzędzia bioinformatyczne poszukujące sekwencji podobnych, wykonujące przyrównania sekwencji i wykonujące analizy filogenetyczne. Student właściwie interpretuje uzyskane wyniki tych analiz. Potrafi zaplanować analizy bioinformatyczne i dobrać odpowiednie programy do postawionego problemu.</p> <p>Kompetencje personalne (postawy): Student jest chętny do poszerzania swojej wiedzy przez poszukiwanie dodatkowych narzędzi bioinformatycznych w internecie oraz jest świadomy potrzeby ciągłego aktualizowania wiedzy w szybko rozwijającej się dziedzinie bioinformatyki.</p>	K2_W01, K2_W03, K2_W06, K2_U01, K2_U02, K2_U03, K2_U05, K2_U07, K2_K01, K2_K05, K2_K07
15.	<p>Treści programowe</p> <p>Molekularne podstawy ewolucji. Przyrównanie (dopasowanie) par sekwencji (macierz punktów, programowanie dynamiczne – przyrównanie lokalne i globalne), systemy punktacji (macierze aminokwasowe PAM i BLOSUM, kary dla przerw), ocena istotności przyrównania. Przyrównanie wielu sekwencji (progresywne przyrównanie globalne, przyrównanie sekwencji zawierających powtórzenia i rearanżacje). Poprawianie i edycja przyrównań. Poszukiwanie sekwencji podobnych w bazach danych (algorytmy FASTA i BLAST), kryteria i istotność podobieństwa sekwencji. Motywy i wzory w sekwencjach: sposoby ich wyrażania (konsensus, wyrażenia regularne, bloki, profile, logo). Filogenetyka molekularna: etapy analiz filogenetycznych, rodzaje sekwencji homologicznych (ortologi, paralogi, ksenologi), rodzaje modeli substytucji, zmienność tempa podstawień w obrębie sekwencji i między różnymi sekwencjami, zegar molekularny, rodzaje drzew, metody tworzenia drzew filogenetycznych (UPGMA, NJ, ME, LS/FM, MP, ML, bayesowskie), metoda bootstrap. Ewolucja genów, białek i genomów. Datowanie molekularne.</p>	
16.	<p>Zalecana literatura (<i>podręczniki</i>)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. P.G. Higgs, T.K. Attwood. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, PWN, 2008 2. D. Graur, W.-H. Li. Fundamentals of Molecular Evolution (2nd edn). Sinauer Associates Inc., Sunderland, MA. 2000 3. R.D.M. Page, E.C. Holmes. Molecular Evolution. A Phylogenetic Approach. Blackwell Science Ltd. 2000 4. B. Hall. Łatwe drzewa filogenetyczne. WUW, 2008 5. Informacje dostępne na stronach internetowych baz danych i stronach związanych z genomiką i bioinformatyką. 	

17.	Forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu/modułu, sposób sprawdzenia osiągnięcia zamierzonych efektów kształcenia: Wykład: Egzamin pisemny (półtest) Ćwiczenia: zajęcia praktyczne przy komputerze – wykonanie zleconych zadań; pisemny półtest	
18.	Język wykładowy Polski	
19.	Obciążenie pracą studenta	
	Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności
	Godziny zajęć (wg planu studiów) z nauczycielem: - wykład - ćwiczenia	15 45
	Praca własna studenta: - przygotowanie do egzaminu - przygotowanie do zaliczenia:	15 25
	Suma godzin:	30/70
	Liczba punktów ECTS	1/1